

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ

VANESSA ISHIBASHI

**AJUSTE DE EFEITOS DE COMPETIÇÃO NA SELEÇÃO GENÉTICA DE
CARACTERÍSTICAS EM *Pinus taeda* L.**

CURITIBA

2017

VANESSA ISHIBASHI

**AJUSTE DE EFEITOS DE COMPETIÇÃO NA SELEÇÃO GENÉTICA DE
CARACTERÍSTICAS EM *Pinus taeda* L.**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal, Departamento de Ciências Florestais, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para obtenção de título de Mestre em Ciências Florestais.

Orientador: Prof. Dr. Antonio Rioyei Higa
Coorientador: Prof. Dr. Diego T. Martinez

CURITIBA

2017

Ficha catalográfica elaborada pela
Biblioteca de Ciências Florestais e da Madeira - UFPR

Ishibashi, Vanessa

Ajuste de efeitos de competição na seleção genética de características em *Pinus taeda* L. / Vanessa Ishibashi. – Curitiba, 2017.
107 f. : il.

Orientador: Prof. Dr. Antonio Rioyei Higa

Coorientador: Prof. Dr. Diego T. Martinez

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal. Defesa: Curitiba, 24/10/2017.

Área de concentração: Silvicultura.

1. Genética florestal. 2. Seleção de plantas – Melhoramento genético. 3. *Pinus taeda*. 4. Teses. I. Higa, Antonio Rioyei. II. Martinez, Diego T. III. Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Agrárias. IV. Título.

CDD – 634.9

CDU – 634.0.232.1



MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO
UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
Setor CIÊNCIAS AGRÁRIAS
Programa de Pós-Graduação ENGENHARIA FLORESTAL

TERMO DE APROVAÇÃO

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em ENGENHARIA FLORESTAL da Universidade Federal do Paraná foram convocados para realizar a arguição da dissertação de Mestrado de **VANESSA ISHIBASHI** intitulada: **AJUSTE DE EFEITOS DE COMPETIÇÃO NA SELEÇÃO GENÉTICA DE CARACTERÍSTICAS EM *Pinus taeda* L.**, após terem inquirido a aluna e realizado a avaliação do trabalho, são de parecer pela sua aprovação no rito de defesa.

A outorga do título de mestre está sujeita à homologação pelo colegiado, ao atendimento de todas as indicações e correções solicitadas pela banca e ao pleno atendimento das demandas regimentais do Programa de Pós-Graduação.

Curitiba, 24 de Outubro de 2017.

ANTÔNIO RIOYÊ HIGA

Presidente da Banca Examinadora (UFPR)

RICARDO AUGUSTO DE OLIVEIRA

Avaliador Externo (UFPR)

LUCIANA DUQUE SILVA

Avaliador Externo (USP/ESALQ)



*À minha mãe Jandira, ao meu esposo João Mauricio.
e ao meu pai Alfredo (in memoriam)*

Dedico

AGRADECIMENTOS

A DEUS pela vida, proteção e bênçãos recebidas, mesmo quando demoro para entender suas lições.

À minha família, em especial a minha mãe Jandira e ao meu esposo João Mauricio, pelo apoio, amor incondicional e por ser meu porto seguro permitindo a realização dos meus sonhos. Minha gratidão e amor por vocês são infinitos!

Aos meus amigos queridos, de todos os tempos, que por mais desatenta que eu pareça, carrego todos em meu coração.

Às companheiras de medição, Camile (duplamente obrigada!), Melrian (irmãzinha querida presente da UFPR) e Yasmin e aos colaboradores Henry e Jordan;

Aos integrantes do Laboratório de Genética e Melhoramento Florestal (LAMEF): Dona Carmem com todo seu cuidado maternal, Ângela por toda disposição e companheirismo, Paulo César meu constante incentivador e companheiro de risadas, Karina (companheira e tradutora predileta), Prof. Dr. Giovana B. Alcantara, Miguel, Yasmin, Carol e todos que passaram pelo laboratório e que fizeram dele uma segunda casa.

Ao meu orientador prof. Dr. Antônio Higa, a quem tenho profunda admiração, agradeço por todas as “segundas” chances, discussões, ensinamentos diários sobre todas as coisas e pela preocupação dispendida.

Ao prof. Dr. Diego T. Martinez, pela coorientação, disposição, paciência e todo o apoio e conhecimento para a realização desse trabalho.

À banca de avaliação, prof. Dr. Luciana Duque Silva, prof. Dr. Ricardo Augusto de Oliveira e prof. Dr. Alexandre Behling que gentilmente aceitaram o convite e pela contribuição para melhoria do trabalho.

À Mobasa Reflorestamento S/A, em especial a engenheira florestal Helena Pereira, pela confiança e todo o apoio necessário para execução das atividades;

À Universidade Federal do Paraná, ao Programa de Pós-Graduação em Engenharia Florestal pela oportunidade confiada, aos integrantes da coordenação do programa, em especial ao Reinaldo Mendes de Souza e David Teixeira de Araujo pelo apoio burocrático e aos professores pelos conhecimentos transmitidos;

A Capes, pela bolsa concedida, fundamental para a realização deste trabalho.

Já justificando qualquer esquecimento, agradeço aqueles que passaram pela minha vida e colaboraram de certa forma.

Muito obrigada a todos!

*“Viver ou morrer
É o de menos
A vida inteira
Pode ser
Qualquer momento
Ser feliz ou não
Questão de talento”*

Alice Ruiz

RESUMO

A seleção genética é a principal ferramenta usada na formação de pomares de sementes de gerações avançadas. O objetivo geral desse estudo foi delinear estratégias de seleção genética visando aumento de crescimento e qualidade de fuste em teste de progênies de *Pinus taeda* para a formação de pomares de sementes. O teste foi implantado em 2006 em delineamento de blocos casualizados, com sete repetições, parcelas lineares de seis plantas e espaçamento de 2,5 m x 2,0 m. O teste instalado nos locais A, B e D possuem 63 famílias e no local C 53 famílias. Aos nove anos de idade foi efetuada a mensuração da variável diâmetro à altura do peito de todos os indivíduos e avaliadas variáveis de qualidade de fuste, retidão e conicidade para os locais A e D. Em um primeiro momento, procedeu-se o estudo da qualidade experimental do teste baseada nos coeficientes de autocorrelação residual, que teve sua significância testada pelo teste de Durbin-Watson. A análise espacial foi utilizada também para validar a eficiência do uso de covariáveis no ajuste dos dados fenotípicos. Após correção dos dados, foi efetuada a seleção para variáveis de crescimento e para as variáveis de qualidade de fuste. As análises foram efetuadas no software Selegen REML/BLUP®. O uso de covariáveis e a análise espacial são imprescindíveis na análise de dados, pois houve uma grande discrepância na classificação individual das progênies, nos efeitos genotípicos e na definição das zonas de melhoramento entre os dados não ajustados e os ajustados. Os resultados indicaram que a base genética é bastante restrita e, devido a isso, a estratégia indicada é a formação de pomares clonais de sementes com no máximo 100 matrizes, com restrição de no máximo quatro indivíduos por família, contemplando para variáveis de crescimento a seleção das famílias superiores pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) e cruzamentos controlados entre progênies das famílias com maiores distâncias genéticas. Ao se incluir as variáveis de qualidade de fuste, o melhor método de seleção, foi o índice de seleção de Smith e Hazel, com igual ênfase para as características DAP, retidão de fuste e fator de conicidade. Recomenda-se ainda a introdução de novos materiais genéticos com o intuito de aumentar a base genética da população estudada. A população selecionada pode ser parte de um programa de melhoramento conduzido em populações múltiplas.

Palavras-chave: análise espacial, adaptabilidade, estabilidade, divergência genética, índice de seleção.

ABSTRACT

Genetic selection is the main tool used when establishing advanced generation seed orchards. The general objective of this study was to delineate genetic selection strategies aiming at growth increase and stem quality in a *Pinus taeda* progenies trial for seed orchards establishment. The trial was established in 2006 in a randomized complete block design with seven replicates, six plants in linear plots and 2.5 m x 2.0 m spacing. The test installed in sites A, B, and D have 63 families and site C has 53 families. At the age of nine, the diameter at breast height of all individuals was measured and the variables of stem quality, straightness and conicity were evaluated for two of the sites. At first, the study of the experimental quality of the test based on residual autocorrelation coefficients was performed. The significance was verified by the Durbin-Watson test. Spatial analysis was also used to validate the efficiency of the covariables in the adjustment of phenotypic data. After the correction of the data, the selection was made for growth variables and for the stem quality variables. The analyses were carried out using Selegen REML / BLUP® software. The use of covariates and spatial analysis are essential in data analysis, since there was a great discrepancy in the individual classification of the progenies, in the genotypic effects and in the definition of breeding areas between the unadjusted and adjusted data. The results indicated that the genetic base is very restricted. Due to this fact, the indicated strategy is the formation of clonal seed orchards with a maximum of 100 matrices. A restriction of four individuals or less per family should be respected; for growth variables, the selection of the elite families using the harmonic mean of the relative performance of the genetic values (MHPRVG) and controlled crosses between progenies of families with greater genetic distances is indicated. When including the variables of quality of stem the best method of selection was using Smith and Hazel selection index with equal emphasis for the characteristics DBH, stem straightness and conicity index. It is also recommended the introduction of new genetic materials in order to broaden the genetic base. The selected population may be part of a genetic improvement program for the studied species, which may be conducted with multiple populations.

Keywords: spatial analysis, adaptability, stability, genetic divergence, selection index.

LISTA DE TABELAS

TABELA 3.1 - LOCALIZAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL DO TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i>	34
TABELA 3.2 - ANÁLISE DE DEVIANCE PARA SOBREVIVÊNCIA EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> AOS 9 ANOS DE IDADE NO ESTADO DE SANTA CATARINA.	39
TABELA 3.3 - COEFICIENTE DE REGRESSÃO RESIDUAL (<i>B</i>) ENTRE COVARIÁVEL E OS DADOS DE DAP E VALOR MÉDIO DA COVARIÁVEL (\bar{x}) EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.	39
TABELA 3.4 – COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS, COEFICIENTES DE AUTOCORRELAÇÃO ENTRE RESÍDUOS NOS SENTIDOS DAS LINHAS (ρ_L), DAS COLUNAS (ρ_C) E VALOR DA ESTATÍSTICA <i>D</i> PARA LINHAS E COLUNAS; COM E SEM O USO DE COVARIÁVEIS PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> PLANTADO EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.	41
TABELA 3.5 – COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS, COEFICIENTES DE AUTOCORRELAÇÃO ENTRE RESÍDUOS NOS SENTIDOS DAS LINHAS (ρ_L), DAS COLUNAS (ρ_C) E VALOR DA ESTATÍSTICA <i>D</i> PARA LINHAS E COLUNAS; COM E SEM O USO DE COVARIÁVEIS PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> PLANTADO EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.	43
TABELA 3.6 – CLASSIFICAÇÃO DOS VINTE MELHORES INDIVÍDUOS POR EFEITOS GENÉTICOS PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. TAEDA</i> PLANTADO EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.	46
TABELA 3.7 – CLASSIFICAÇÃO DOS VINTE MELHORES INDIVÍDUOS POR EFEITOS GENÉTICOS PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE	

<i>P. TAEDA</i> PLANTADO EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.	47
TABELA 3.8 – COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS ESTIMADOS ATRAVÉS DA ANÁLISE CONJUNTA PARA DIÂMETRO EM UM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> PLANTADO EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.	48
TABELA 3.9 – CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE LOCAIS E HERDABILIDADES ESTIMADAS POR MEIO DE ANÁLISE CONJUNTA PARA DIÂMETRO EM UM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> NO ESTADO DE SANTA CATARINA.....	49
TABELA 4.1 - LOCALIZAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL DO TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i>	56
TABELA 4.3 - COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> AOS NOVE ANOS DE IDADE PLANTADO EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE INDIVIDUAL	63
TABELA 4.4 - ANÁLISE DE DEVIANCE PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> AOS 9 ANOS DE IDADE EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE INDIVIDUAL.	64
TABELA 4.5 - CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE LOCAIS ESTIMADA PARA VARIÁVEL DAP POR MEIO DE ANÁLISE CONJUNTA EM UM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.....	65
TABELA 4.6 - COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES AOS NOVE ANOS DE IDADE DE <i>P. taeda</i> PLANTADO EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE CONJUNTA.....	66
TABELA 4.7 - ANÁLISE DE DEVIANCE PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> AOS 9 ANOS DE IDADE EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE CONJUNTA.	66
TABELA 4.8 - ORDENAMENTO DAS MELHORES FAMÍLIAS PARA PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE PELO	

MÉTODO (MHPRVG) PARA A VARIÁVEL DAP EM <i>P. taeda</i> PARA DUAS ZONAS DE MELHORAMENTO, COMPREENDENDO AS REGIÕES DOS LOCAIS A e D E DOS LOCAIS B E C NO ESTADO DE SANTA CATARINA.	68
TABELA 4.9 - GANHO GENÉTICO, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL E NÚMERO DE FAMÍLIAS COM A SELEÇÃO INDIVIDUAL PARA A VARIÁVEL DAP EM <i>P. taeda</i> PARA DUAS ZONAS DE MELHORAMENTO, COMPREENDENDO AS REGIÕES DOS LOCAIS A E D E DOS LOCAIS B E C, E POR LOCAL NO ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES.....	70
TABELA 4.10 - AGRUPAMENTO (TOCHER) PELAS DISTÂNCIAS DE MAHALANOBIS EM <i>P. taeda</i> ENVOLVENDO AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA TOTAL PELA ANÁLISE CONJUNTA DE UM TESTE DE PROGÊNIES AVALIADO NOS LOCAIS A E D NO ESTADO DE SANTA CATARINA.	71
TABELA 4.11 - AGRUPAMENTO (TOCHER) PELAS DISTÂNCIAS DE MAHALANOBIS EM <i>P. taeda</i> ENVOLVENDO AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA TOTAL PELA ANÁLISE CONJUNTA DE UM TESTE DE PROGÊNIES AVALIADO NOS LOCAIS B E C NO ESTADO DE SANTA CATARINA.	72
TABELA 5.1 - LOCALIZAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL DO TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i>	80
TABELA 5.2 - CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE AS VARIÁVEIS DAP, RETIDÃO (RET) E FATOR DE CONICIDADE (FC) EM UM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.	87
TABELA 5.3 - ANÁLISE DE DEVIANCE EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> AOS 9 ANOS DE IDADE PARA O LOCAL A NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE INDIVIDUAL.....	89

TABELA 5.4 - ANÁLISE DE DEVIANCE EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> AOS 9 ANOS DE IDADE PARA O LOCAL D NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE INDIVIDUAL.....	89
TABELA 5.5 - COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DAP, RETIDÃO (RET) E FATOR DE CONICIDADE (FC) AOS NOVE ANOS DE IDADE EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> PLANTADO EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE INDIVIDUAL.	91
TABELA 5.6 - ANÁLISE DE DEVIANCE EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> AOS 9 ANOS DE IDADE PARA NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE CONJUNTA.....	92
TABELA 5.7 - COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DAP, RETIDÃO (RET) E FATOR DE CONICIDADE (FC) AOS NOVE ANOS DE IDADE EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> PLANTADO EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE CONJUNTA.....	93
TABELA 5.8 - GANHOS GENÉTICOS COM A SELEÇÃO DIRETA E INDIRETA PARA AS VARIÁVEIS DAP, RETIDÃO (RET) E FATOR DE CONICIDADE (FC) EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> PLANTADO NO LOCAL A NO ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS). ..	94
TABELA 5.9 - COEFICIENTE DE COINCIDÊNCIA DE COHEN (K) ENTRE OS DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> PLANTADO NO LOCAL A NO ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS).....	95
TABELA 5.10 - GANHOS GENÉTICOS E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL COM BASE EM MÉTODOS DE SELEÇÃO SIMULTÂNEA PARA AS VARIÁVEIS DAP, RETIDÃO (RET) E FATOR DE CONICIDADE (FC) EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> PLANTADO NO LOCAL A NO ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES.	96

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO GERAL.....	15
1.1.	OBJETIVO GERAL.....	17
1.2.	OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	17
1.3.	HIPÓTESES.....	17
2.	REVISÃO DE LITERATURA	18
2.1.	<i>Pinus taeda</i> L.	18
2.1.1.	Taxonomia e características gerais	18
2.1.2.	Importância econômica.....	20
2.2.	MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL	21
2.2.1.	População base e tamanho efetivo populacional.....	21
2.2.2.	Teste de progênies	21
2.2.3.	Parâmetros genéticos	22
2.2.4.	Correlação genética.....	24
2.2.5.	Interação genótipo x ambiente.....	25
2.2.6.	Estabilidade e adaptabilidade	25
2.2.7.	Seleção	26
2.2.8.	Áreas produtoras de sementes	27
2.3.	ANÁLISE DE DADOS VIA REML/BLUP	28
3.	MODELOS FENOTÍPICOS DE COMPETIÇÃO PARA ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM <i>Pinus taeda</i> L.¹	30
3.1.	INTRODUÇÃO	32
3.2.	MATERIAL E MÉTODOS	34
3.2.1.	Área experimental e material genético.....	34

3.2.2.	Estimativa da autocorrelação espacial.....	35
3.2.3.	Estimativa de parâmetros genéticos	35
3.2.4.	Análise de covariância	36
3.2.5.	Índice de competição de Hegyi (<i>IC</i>)	37
3.2.6.	Média da autocompetição (<i>MAT</i>)	37
3.2.7.	Média da Alocompetição (<i>MAL</i>)	37
3.2.8.	Número de plantas vizinhas (<i>NV</i>)	38
3.2.9.	Ajuste dos valores fenotípicos	38
3.3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	38
3.3.1.	Análise do efeito competitivo.....	38
3.3.2.	Pressupostos para análise de covariância.....	39
3.3.3.	Modelos fenotípicos de competição para os locais A e D	40
3.3.4.	Modelos fenotípicos de competição para os locais B e C	42
3.3.5.	Resposta à seleção individual.....	44
3.3.6.	Correlação entre locais	47
3.4.	CONCLUSÕES	49
	REFERÊNCIAS	50
4.	INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE NA SELEÇÃO DE <i>Pinus taeda</i> L. PARA FORMAÇÃO DE POMARES CLONAIS DE SEMENTES COM BASE EM VARIÁVEIS DE CRESCIMENTO	53
4.1.	INTRODUÇÃO	55
4.2.	MATERIAL E MÉTODOS	56
4.2.1.	Área experimental e material genético.....	56
4.2.2.	Estimativa de parâmetros genéticos	57
4.2.3.	Ajuste dos valores fenotípicos	58

4.2.4.	Média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG)	59
4.2.5.	Análise de deviance	59
4.2.6.	Divergência genética	59
4.2.7.	Formação de pomares clonais de sementes	60
4.2.8.	Tamanho efetivo populacional (N_e)	60
4.2.9.	Ganho genético.....	61
4.3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	61
4.3.1.	População base	61
4.3.2.	Formação de pomares clonais de sementes	67
4.3.3.	Tamanho e estrutura da população selecionada	70
4.3.4.	Recombinação dos indivíduos	72
4.4.	CONCLUSÕES	73
	REFERÊNCIAS.....	73

5. SELEÇÃO GENÉTICA PARA CRESCIMENTO E QUALIDADE DE FUSTE EM *Pinus taeda* L. PARA FORMAÇÃO DE POMARES CLONAIIS DE SEMENTES ... 77

5.1.	INTRODUÇÃO	79
5.2.	MATERIAL E MÉTODOS	80
5.2.1.	Área experimental e material genético.....	80
5.2.2.	Estimativa de parâmetros genéticos	82
5.2.3.	Ajuste dos valores fenotípicos	83
5.2.4.	Análise de deviance	83
5.2.5.	Seleção simultânea de várias características	83
5.2.6.	Formação de pomares clonais de sementes	85
5.2.7.	Tamanho efetivo populacional (N_e)	85
5.2.8.	Ganho genético.....	85

5.2.9.	Coeficiente de coincidência de Cohen (K)	86
5.3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	86
5.3.1.	População base	86
5.3.2.	Seleção genética de indivíduos superiores.....	93
5.4.	CONCLUSÕES	97
	REFERÊNCIAS.....	98
6.	CONSIDERAÇÕES FINAIS	101
	REFERÊNCIAS.....	102
	APÊNDICE 1- SOBREVIVÊNCIA (%) POR FAMÍLIA EM TESTE DE PROGÊNIES DE <i>P. taeda</i> NO ESTADO DE SANTA CATARINA AOS 9 ANOS DE IDADE.....	107

1 INTRODUÇÃO GERAL

A área de árvores plantadas para fins industriais no Brasil totalizou 7,84 milhões de hectares em 2016 com representativa importância na economia do país. Os plantios de *Pinus* sp. ocupam 1,6 milhão de hectares e se concentram no Paraná (42%) e em Santa Catarina (34%), sobretudo devido às condições edafoclimáticas e à localização dos principais centros processadores desse tipo de madeira. *Pinus taeda* é a conífera de maior importância comercial no Brasil, principalmente para produção de celulose de fibra longa, serraria e laminação, com aproximadamente um milhão de ha plantados e produtividade média de $30,5 \text{ m}^3\text{ha}^{-1}\text{ano}^{-1}$ (IBÁ, 2017).

Essa produtividade se deve principalmente aos programas de melhoramento genético e ao emprego de técnicas silviculturais adequadas. Os plantios florestais originados com sementes melhoradas ou clones apresentam maior produtividade e homogeneidade (MARTINEZ, 2010), otimizando as demais operações florestais.

O melhoramento genético do pinus, no Brasil, vem sendo conduzido desde a década de 1960 por empresas florestais, instituições públicas federais e estaduais e universidades que resultaram em um aumento substancial em produtividade (AGUIAR et al., 2011). Porém, as estratégias de melhoramento em programas para *P. taeda* devem visar à maximização de ganhos em produtividade e qualidade da madeira (MARTINEZ et al., 2012) para que seja possível atender diferentes nichos de mercado, como o de madeira sólida. Para isso, deve se proceder à seleção dos melhores indivíduos com base em avaliações genéticas dos caracteres relacionados a produtividade, qualidade da madeira e de fuste. Estudos de seleção de *P. taeda* com base em variáveis de crescimento podem ser vistos em Paludzyszyn Filho et al. (2002), Martinez et al. (2012) e Vagaes (2013). Além dessas variáveis, Ferreira (2005) incluiu em seu estudo caracteres qualitativos do fuste (retidão, copa quebrada, *fox-tail* e bifurcação).

Dentre os parâmetros genéticos mais importantes para o sucesso da seleção genética estão a variabilidade e a herdabilidade. A herdabilidade expressa a proporção da variância fenotípica que tem origem genética e indica a facilidade ou dificuldade para melhorar determinados caracteres e a variabilidade existente na

população deve ser suficiente para possibilitar a seleção e o ganho genético (PIRES et al., 2011).

Atualmente a metodologia mais utilizada para a análise e estimação dos parâmetros genéticos é a REML/BLUP, que permite predizer os valores genéticos mesmo em casos de experimentos desbalanceados (MARTINEZ et al., 2012). O procedimento de máxima verossimilhança restrita (REML) permite produzir estimativas ou predições mais acuradas de efeitos de tratamentos quando existem dados perdidos nos experimentos (RESENDE, 2006). O BLUP é o procedimento que maximiza a acurácia seletiva e permite inferir sobre os efeitos genéticos de tratamentos. Com este procedimento, a seleção deixa de ser fenotípica e passa a ser genotípica (MARTINEZ, 2010).

A seleção recorrente intrapopulacional compreende na obtenção de progênies, avaliação, seleção genética e recombinação, sendo muito empregada na área florestal. Dentre as estratégias, a formação de pomares de sementes maximiza os ganhos genéticos em períodos mais curtos de tempo. O Decreto Federal nº 5.153, de 23 de julho de 2004 que regulamenta a Lei nº 10.711, de 05 de agosto de 2003, que dispõe sobre o Sistema Nacional de Sementes e Mudas, define pomares de sementes como “plantações planejadas, estabelecidas com matrizes superiores, isoladas, com delineamento de plantio e manejo adequado para a produção de sementes, podendo ser pomar clonal de sementes, pomar de sementes por mudas, pomar clonal para produção de sementes híbridas e pomares de sementes testados”.

A qualidade genética das sementes produzidas nos pomares é superior, originando mudas com maior vigor e homogeneidade, aumentando a eficiência do viveiro e a produtividade da floresta formada com essas mudas. Considera-se o procedimento mais eficiente para produção de sementes melhoradas geneticamente, sendo de uso comum nos programas de melhoramento em todo o mundo (HOPPE et al., 2004).

1.1.OBJETIVO GERAL

O objetivo geral desse estudo é delinear estratégias de seleção genética visando aumento do crescimento e qualidade de fuste em teste de progênies de *Pinus taeda* L. para a formação de pomares de sementes.

1.2.OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Estimar os parâmetros genéticos de progênies de polinização aberta de *P. taeda* instalados em diferentes locais do estado de Santa Catarina;
- Estimar os ganhos genéticos a serem obtidos com diferentes estratégias de seleção indivíduos na formação de pomares de sementes.
- Definir os melhores métodos de seleção genética para *P. taeda* visando aumento do crescimento e qualidade da madeira.

1.3.HIPÓTESES

Se os indivíduos selecionados apresentarem interação significativa genótipo x ambiente não significativa, então será possível estabelecer somente um pomar clonal de sementes que atenda toda a região de abrangência dos testes de progênies;

Se os parâmetros genéticos de crescimento e qualidade da madeira não forem correlacionados geneticamente; então é necessário definir métodos de seleção elaborados que propiciem a maximização do ganho genético para as características.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. *Pinus taeda* L.

2.1.1. Taxonomia e características gerais

Reino: Plantae

Subdivisão: Gymnospermae

Classe: Coniferopsida

Ordem: Coniferae

Família: Pinaceae

Subfamília: Pinoideae

Gênero: *Pinus*

Subgênero: *Pinus*

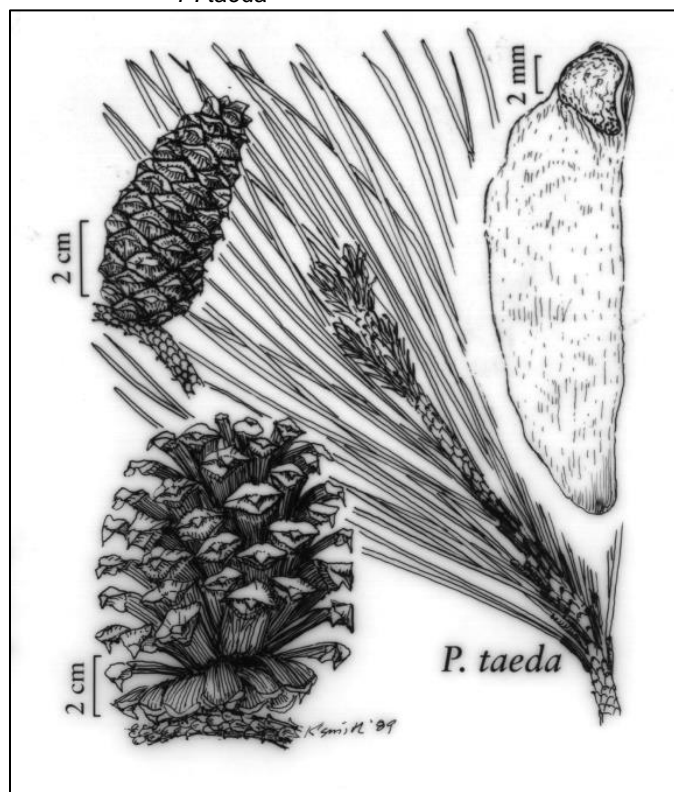
Espécie: *Pinus taeda*

Pinus é o maior gênero das coníferas com mais de 100 espécies. Inclui dois subgêneros *Strobus* (pinheiros brancos) e *Pinus* (pinheiros rígidos) (GERNANDT *et al.*, 2004). *P. taeda* é natural do Golfo do México, Costa Atlântica do Sul e Sudeste dos Estados Unidos (FIGURA 1.1). O clima da maioria das formações naturais é úmido, com precipitação média anual variando de 1020 a 1520 mm e temperatura média entre 13°C e 24° C.

A espécie apresenta um conjunto de três acículas por fascículo, raramente 2 ou 4 de coloração verde amarelada. Seus cones são de 7 a 15 cm de comprimento, oblongos e cilíndricos, abrindo-se quando maduros. As sementes apresentam de 0,2 a 0,5 cm de comprimento, coloração marrom com marcas negras e asas de 2 cm de comprimento (FERREIRA, 2005) (FIGURA 1.2). É uma espécie monoica, apresentando flores unissexuais, mas distribuídas no mesmo indivíduo, seu sistema reprodutivo é alógamo, sem a presença de autofecundação (SHIMIZU, 2008).

FIGURA 1.1 - DISTRIBUIÇÃO NATURAL DE *P. taeda*

Fonte: THIERET, 1993

FIGURA 1.2 - CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS EM ACÍCULAS, CONES E SEMENTES DE *P. taeda*

Fonte: THIERET, 1993

2.1.2. Importância econômica

No Brasil, a primeira tentativa de silvicultura do gênero *Pinus* ocorreu por volta de 1936 com espécies europeias, porém não houve adaptação dessas espécies devido às diferenças climáticas (SOUZA, 2015). Em 1948, através do Serviço Florestal do Estado de São Paulo, foram introduzidas espécies americanas como *P. palustris*, *P. echinata*, *P. elliottii* e *P. taeda*. As duas últimas se destacaram pela facilidade nos tratos culturais, rápido crescimento e reprodução intensa no Sul e Sudeste do Brasil (SILVA et al., 2012).

Com o programa de incentivo fiscal, em meados dos anos 1960, iniciaram-se os plantios comerciais de pinus nas regiões Sul e Sudeste (AGUIAR et al., 2014), principalmente para suprir a lacuna no mercado de madeira deixada pela escassez gradativa da madeira de *Araucaria angustifolia* (SHIMIZU e SPIR, 1999). Nas décadas de 1970 e 1980, as plantações deste gênero foram as principais fontes de matéria-prima para o desenvolvimento da indústria florestal, abastecendo um mercado altamente diversificado (SOUZA, 2015). Nesse período os povoamentos apresentavam baixa qualidade de fuste e produtividade de apenas 20 a 25 m³ ha⁻¹ ano⁻¹ (AGUIAR et al., 2014).

Atualmente com área de árvores plantadas para fins industriais no Brasil totalizou 7,8 milhões de hectares em 2015. Os plantios de pinus ocupam 1,6 milhão de hectares e se concentram no Paraná (42%) e em Santa Catarina (34%) com produtividade de 30,5 m³ ha⁻¹ ano⁻¹ (IBÁ, 2017). O PIB setorial alcançou R\$ 71,1 bilhões e em relação ao PIB brasileiro, o setor de árvores plantadas fechou 2016 com participação de 1,1% de toda a riqueza gerada no País e 6,2% do PIB industrial. Foi responsável pela geração de R\$ 11,4 bilhões em tributos federais, estaduais e municipais ao longo do ano passado, o que corresponde a 0,9% de toda a arrecadação do País (IBÁ, 2017).

No Paraná, além da indústria de papel e celulose, o pinus é amplamente utilizado para produção de madeira serrada, compensada e reconstituída, com aproximadamente 2.400 empresas nesses setores que geram mais de 43 mil empregos diretos, consumindo 11,4 milhões de m³ de madeira. O estado lidera as exportações de serrados (42%) e compensados de pinus no Brasil (71%) (SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO, 2012).

Em Santa Catarina, destacam-se os segmentos de produção de papel kraft, serraria e móveis, com cerca de 5.200 empresas, 60 mil empregos diretos e consumo de 13 milhões de m³ de madeira de pinus. O estado é o segundo maior exportador brasileiro de móveis (31%), segundo em compensado de pinus (28%) e segundo em serrados de *Pinus* (40%) e também lidera as exportações de papel Kraft (SERVIÇO FLORESTAL BRASILEIRO, 2012).

2.2. MELHORAMENTO GENÉTICO FLORESTAL

2.2.1. População base e tamanho efetivo populacional

Um programa de melhoramento genético parte de uma população-base, a partir da qual será efetuada a seleção de indivíduos em diferentes intensidades (GOLLE *et al.*, 2009) e posterior recombinação. Essas técnicas visam o aumento dos alelos favoráveis presentes no genótipo de uma dada população (PIRES *et al.*, 2011). Para um programa de melhoramento a longo prazo, a base genética da população-base deve ser ampla para que o limite seletivo não seja alcançado já nos primeiros ciclos de seleção. Limite seletivo é definido como a produtividade máxima a ser atingida após vários ciclos seletivos por meio da exaustão de toda a variabilidade genética contida nas populações. A obtenção do limite seletivo está relacionada com a manutenção adequada do tamanho efetivo populacional (RESENDE, 2015).

O tamanho efetivo populacional se refere ao tamanho genético de uma população reprodutiva e não ao número de indivíduos que a compõe (PIRES *et al.*, 2011). Assim, uma população de 75 a 100 famílias de meios-irmãos com inúmeros indivíduos por família são suficientes para permitir alta intensidade de seleção nas primeiras gerações e, simultaneamente, manter o tamanho efetivo populacional compatível, entre 30 e 60 (RESENDE, 2005).

2.2.2. Teste de progênies

Um dos testes genéticos mais utilizados em um programa de melhoramento é o teste de progênies (CRUZ, 2005). Esse pode ser realizado utilizando-se

sementes sem controle de polinização, portanto, progênies de meios-irmãos, ou através de progênies obtidas por polinização controlada (HIGA e SHIMIZU, 1981).

Progênies são entidades genéticas, por meio das quais é possível estimar a estrutura genética de uma população, bem como explicar a natureza da variação fenotípica. Os caracteres úteis ao melhoramento são avaliados nas progênies em delineamentos experimentais (PALUDZYSZYN FILHO et al., 2001). Esses delineamentos devem obedecer aos princípios básicos da experimentação: repetição, casualização e controle local. Neste último, ressalta-se a importância da homogeneidade dentro da repetição, sendo os mais utilizados para isso o delineamento em blocos casualizados (DBC) ou em látice (RESENDE, 2005).

Por meio da avaliação de testes de progênies, pode-se (PIRES et al., 2011):

- estimar parâmetros genéticos;
- inferir sobre a estrutura genética da população original;
- definir o valor genético de um conjunto específico de indivíduos e seus descendentes;
- orientar a formação de nova população base;
- avaliar o controle genético de características individuais;
- quantificar a interação genótipo x ambiente;
- orientar a formação de campos de recombinação;
- produzir sementes melhoradas.

Pode-se então saber se a superioridade de certo indivíduo é devido à sua constituição genética superior, ou se é devido a uma condição ambiental favorável (ASSIS, 1996).

2.2.3. Parâmetros genéticos

Parâmetros genéticos são expressões, numéricas utilizadas para inferências sobre a estrutura genética de populações (FERREIRA, 2005). Dentre os parâmetros genéticos, destaca-se a herdabilidade e variabilidade genética, pois para o sucesso do melhoramento genético é fundamental que as características de interesse sejam herdáveis e que haja variação na população em que se pratica a seleção (CRUZ, 2005).

A variabilidade genética deve ser suficiente para possibilitar a seleção e o ganho genético (PIRES et al., 2011). Aliado ao valor da herdabilidade, este parâmetro fornece boa indicação do potencial do progresso genético no decorrer do programa de melhoramento (GARRIDO, 1997). A variabilidade fenotípica é resultado dos efeitos genéticos, do ambiente e da interação desses. O valor fenotípico é determinado pela soma dos componentes de variância ambiental, variância da interação genótipo x ambiente e variância genética (BORÉM E MIRANDA, 2005). A variância genética é estabelecida pela variância aditiva, variância de dominância e dos efeitos epistáticos. (CRUZ, 2005).

A herdabilidade expressa à proporção da variância fenotípica que tem origem genética. Pode ser expressa como: herdabilidade no sentido amplo, que considera a variância genética total, sendo utilizado em casos de propagação vegetativa ou de autofecundação; herdabilidade no sentido restrito, quando se considera apenas a variância genética aditiva, sendo utilizado em casos de reprodução sexuada (PIRES et al., 2011). A herdabilidade no sentido amplo é razão da variância genotípica pela fenotípica. No sentido restrito, razão da variância aditiva pela fenotípica (BORÉM E MIRANDA, 2005).

Os caracteres quantitativos geralmente possuem baixa herdabilidade, além de controlados por um grande número de genes e muito influenciados pelo ambiente (CRUZ, 2005). Assim, demandarão métodos de seleção mais elaborados que aqueles com herdabilidade alta (PIRES et al., 2011).

Martinez et al. (2012), avaliaram testes de progênes com seis anos em cinco locais e três sítios diferentes e obteve maiores valores para herdabilidade individual no sentido restrito para DAP e altura em *P. taeda* em sítios mais produtivos, com valores médios de 0,41 e 0,44 respectivamente. O autor justifica que os melhores sítios apresentaram melhores condições de desenvolvimento e da expressão do potencial genético das progênes. Os valores de acurácia também foram maiores nesses sítios. Para a mesma espécie, valores inferiores para herdabilidade foram preditos no trabalho de Vagaes (2013) para testes de progênes com 15 anos de idade.

Os valores genéticos aditivos preditos não são iguais aos valores genéticos verdadeiros dos indivíduos. A acurácia seletiva é a correlação entre o valor

genotípico verdadeiro e o predito. Esse parâmetro depende da herdabilidade do caráter, da quantidade e qualidade das informações, procedimentos utilizados na predição dos valores genéticos e parentesco entre indivíduos avaliados (PIRES et al., 2011). Na seleção de indivíduos em testes de progênie não se obtém acurácia de 100%. Com valores de herdabilidade variando de 0,05 a 0,95 a acurácia máxima variou de 53% a 95% (RESENDE, 2005). De acordo com Resende (2007), acurácias acima de 70% são desejáveis nas etapas iniciais e intermediárias do melhoramento.

2.2.4. Correlação genética

Define-se correlação genética entre caracteres como sendo a medida da magnitude da associação genética entre caracteres de um indivíduo. As correlações genéticas são resultantes principalmente ao pleitropismo e às ligações gênicas em desequilíbrio. O pleitropismo é o fenômeno pelo qual um gene afeta simultaneamente duas ou mais características, de forma que, se estiver segregando, causará variação simultânea nas características envolvidas. O desequilíbrio de ligação gênica é causa transitória da correlação e poderá ser alterado em gerações avançadas por quebra nos conjuntos gênicos pelas permutas (CRUZ, 2005). Correlações genéticas acima de 0,67 são consideradas de alta magnitude, permitindo a seleção indireta entre as variáveis alvo de seleção (RESENDE, 2015).

Correlações genéticas alta magnitude para as variáveis diâmetro e altura, em *P. taeda*, foram relatadas por Martinez et al (2012) com valores superiores a 0,72 e Paludzyszyn Filho et al. (2003) com valores superiores a 0,90. Esses últimos autores também encontraram correlações genéticas de alta magnitude para diâmetro entre idade juvenil e adulta de seleção (0,90), não havendo necessidade de se esperar todo o ciclo de produção para a avaliação genética. Os caracteres DAP e volume apresentaram correlação genética alta (VAGAES, 2013).

O grau de correlação genética entre os caracteres avaliados é importante na definição do método de seleção a ser utilizado, características com caracteres altamente correlacionados permitem a seleção indireta, já quando não há essa correlação, pode-se optar por seleção em níveis independentes ou índices combinados.

2.2.5. Interação genótipo x ambiente

Quando os testes de progênies são instalados em diferentes ambientes, se espera diferentes expressões dos genótipos nos locais (MARTINEZ, 2010). A alteração da performance relativa dos genótipos em virtude de diferentes ambientes, denomina-se interação genótipo x ambiente (BORÉM e MIRANDA, 2005). Analisar esta interação e seus efeitos é importante, pois todo programa de melhoramento genético enfrenta o desafio de recomendar genótipos superiores para plantações em escala comercial que abrangem vários locais distintos (COUTINHO, 2017).

Ocorrendo interação genótipo x ambiente significativa, diferentes estratégias de melhoramento devem ser adotadas, de modo a explorar os efeitos positivos da interação em cada ambiente (PIRES et al., 2011). Não havendo diferenças significativas uma única zona de melhoramento pode ser formada para suprir a demanda dos ambientes testados. Não foi encontrada interação genótipo x ambiente no estudo de Martinez et al. (2012), com correlação de 0,70 considerando todos os locais testados. Correlações acima de 0,67 são consideradas altas e indicam que um só programa de melhoramento atende satisfatoriamente a todos os locais, simultaneamente (RESENDE, 2002).

As zonas de melhoramento são estabelecidas de modo que, dentro delas, a interação genótipo x ambiente seja mínima e deverá haver um programa de melhoramento específico. Mesmo dentro dessas zonas é importante optar pela seleção de materiais genéticos com maior produtividade, adaptabilidade e estabilidade (RESENDE, 2005).

2.2.6. Estabilidade e adaptabilidade

Adaptabilidade de um genótipo refere-se a sua capacidade de aproveitar vantajosamente as variações ambientais e estabilidade a sua capacidade de apresentar um comportamento altamente previsível em função das alterações ambientais, ambos dependem da constituição genética (RESENDE, 2005). A avaliação da adaptabilidade e estabilidade deve ser realizada tendo como foco melhorar e aumentar a produtividade, reduzindo custos na implantação futura (MARTINEZ et al., 2012).

A seleção simultânea por produtividade, estabilidade e adaptabilidade, no contexto dos modelos mistos, pode ser realizada pelo método da Média Harmônica da Performance Relativa dos Valores Genéticos (MHPRVG) preditos. Esse método permite selecionar simultaneamente três atributos mencionados e apresenta as seguintes vantagens (RESENDE, 2007):

- considera os efeitos genotípicos como aleatórios e, portanto, fornece estabilidade e adaptabilidade genotípica;
- permite lidar com desbalanceamento;
- permite lidar com delineamentos não ortogonais;
- permite lidar com heterogeneidade de variâncias;
- permite considerar erros correlacionados dentro de locais;
- fornece valores genéticos já descontados (penalizados) da instabilidade;
- pode ser aplicado com qualquer número de ambientes;
- permite considerar a estabilidade e adaptabilidade na seleção de indivíduos dentro de progênie;
- não depende da estimação de outros parâmetros;
- gera resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado;
- permite computar o ganho genético com a seleção pelos três atributos simultaneamente

2.2.7. Seleção

A seleção deve basear-se tanto em componentes de médias quanto em componentes de variância (RESENDE, 2005). Resende *et al.* (2009) cita estratégias globais com os correspondentes métodos de seleção para os caracteres quantitativos:

- a) melhoramento e seleção dentro de população → seleção recorrente intrapopulacional;
- b) melhoramento e seleção em populações sintéticas ou compostos → seleção recorrente intrapopulacional em população sintética (SRIPS);

- c) melhoramento do cruzamento ou híbrido entre indivíduos de diferentes populações → seleção recorrente recíproca (SRR).

A seleção recorrente intrapopulacional é o método mais utilizado na área florestal e compreende, basicamente, obtenção de progênies, avaliação, seleção e recombinação. Quanto à unidade de seleção, os métodos de seleção comumente utilizados são de seleção entre e dentro de famílias para formação de pomares de sementes por mudas ou de indivíduos no experimento para pomares clonais de sementes (RESENDE, 2005). Quando a seleção é praticada com base em um índice combinado, esperam-se respostas máximas nos valores genéticos desses indivíduos e maior precisão na seleção (FERREIRA, 2005).

2.2.8. Áreas produtoras de sementes

Áreas produtoras de sementes incluem diferentes métodos de produção de sementes, incluindo os pomares de sementes. Esses consistem de plantações de árvores ou clones selecionados, devidamente isolados e manejados para produção de sementes, com maiores ganhos genéticos no menor período de tempo e ao menor custo possível (HOPPE et al., 2004). Os principais são os pomares de sementes por mudas (PSM) e os pomares clonais de sementes (PCS).

O PSM é formado a partir da seleção entre e dentro de famílias, seguido pelo desbaste das árvores indesejadas em testes de progênies, após seleção genética. A intensidade de seleção é alta, acima de 1:5000. No PCS a seleção é efetuada com base no valor genético individual e os indivíduos estabelecidos por meio de propagação vegetativa. Os pomares testados são estabelecidos a partir de genitores superiores, selecionados com base no desempenho médio de suas progênies (PIRES et al., 2011).

As sementes de PSM são inferiores aos de PCS em relação à composição de suas matrizes, pois como é efetuada a seleção de famílias e após dentro de famílias, alguns os indivíduos geneticamente superiores para a população de melhoramento podem não serem mantidos no PSM, assim como alguns indivíduos intermediários podem ser mantidos na seleção dentro de parcela. No caso do PCS,

os indivíduos superiores são clonados e devidamente distribuídos no pomar (FERREIRA, 2005).

2.3. ANÁLISE DE DADOS VIA REML/BLUP

Atualmente, a abordagem ótima e padrão é o procedimento REML/BLUP para estimação de componentes de variância/predição de valores genéticos. Tal procedimento conduz a máxima acurácia seletiva e máximo ganho genético (RESENDE et al., 2009). O procedimento de máxima verossimilhança restrita (REML) permite produzir estimativas ou predições mais acuradas de efeitos de tratamentos quando existem dados perdidos nos experimento (RESENDE, 2004). No caso balanceado, o método REML gera resultados iguais ao método da ANOVA (MARTINEZ, 2010).

O BLUP é o procedimento que maximiza a acurácia seletiva e permite inferir sobre os efeitos genéticos de tratamentos. Neste caso, um valor genotípico é determinado para cada indivíduo, permitindo uma melhor estimativa do valor genético e um ordenamento mais adequado dos melhores indivíduos, conduzindo a uma melhor seleção. Com este procedimento, a seleção deixa de ser fenotípica e passa a ser genotípica, propiciando maiores ganhos genéticos, com maior acuracidade (MARTINEZ, 2010). No procedimento BLUP os efeitos genéticos dos tratamentos são considerados aleatórios e os efeitos de macro-ambiente, como fixos ou aleatórios. Quando os blocos são completos, tratá-los como fixo ou aleatório conduz basicamente a mesma herdabilidade ajustada. Se o objetivo é a seleção de indivíduos que estão em blocos distintos, como no caso em que os melhores indivíduos estão alocados nos melhores blocos, deve-se considerar dos efeitos de blocos completos como fixos (RESENDE, 2007).

O software SELEGEN-REML/BLUP® considera vários delineamentos experimentais, vários delineamentos de cruzamento, interação genótipo x ambiente e experimentos repetidos em vários locais, medidas repetidas, progênes pertencentes a várias populações dentre outros fatores. Permite o teste da significância dos efeitos via teste da razão de verossimilhança (LRT) e análise de deviance (RESENDE, 2006).

CAPÍTULO I
MODELOS FENOTÍPICOS DE COMPETIÇÃO PARA ESTIMATIVAS DE
PARÂMETROS GENÉTICOS EM *Pinus taeda* L.

3. MODELOS FENOTÍPICOS DE COMPETIÇÃO PARA ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM *Pinus taeda* L.¹

RESUMO

O objetivo foi avaliar a eficiência dos modelos fenotípicos de competição, via análise espacial, na avaliação genética de testes de progênes de *Pinus taeda* L. Para isso foram utilizadas quatro covariáveis de competição para ajuste dos valores fenotípicos em um teste de progênes de *P. taeda* plantado em quatro diferentes locais no estado de Santa Catarina. O teste foi implantado em 2006 em delineamento de blocos casualizados, com sete repetições, parcelas lineares de seis plantas e espaçamento de 2,5 m x 2,0 m. O teste instalado nos locais A, B e D possuem 63 famílias e no local C 53 famílias. Aos nove anos de idade foi efetuada a mensuração da variável diâmetro à altura do peito de todos os indivíduos. A presença ou não da competição foi baseada nos coeficientes de autocorrelação residual, que teve sua significância testada pelo teste de Durbin-Watson. No geral, o uso de covariáveis corrigiu o efeito da competição e as variâncias entre e dentro de parcela e o coeficiente de variação residual foram reduzidos. A análise espacial foi apropriada para validar a eficiência das covariáveis. A classificação pelo valor genético dos indivíduos no teste de progênes foi alterada para o conjunto de dados com e sem o uso de covariáveis para os locais A e D, assim como a interação genótipo x ambiente. O uso dessas duas ferramentas é de suma importância na análise de dados em testes de progênes de *P. taeda*, pois os efeitos de competição podem conduzir a erros na seleção de indivíduos e na definição de zonas de melhoramento.

Palavras chave: análise espacial, covariável, REML/BLUP, componentes de variância.

¹ Capítulo publicado na Revista Cerne

ABSTRACT

The objective of this study was to evaluate the efficiency of the phenotypic models of competition, through spatial analysis in the genetic evaluation of *Pinus taeda* L progenies. For this, four competition covariates were used to adjust the phenotypic values in a *P. taeda* progeny test installed in four different locations in the state of Santa Catarina. The test was implemented in 2006 in randomized block design, with seven competitions, linear plots containing six plants per plot in 2.5 m x 2.0 m spacing. The test installed in sites A, B, and D are made of 63 families and site C 53 families. At nine years old, the diameter variable was measured at the breast height for all individuals. The presence or absence of the competition was based on the residual autocorrelation coefficients, which had its significance tested by the Durbin-Watson test. In general, the use of covariates corrected the competition effect and the variances among and within plots, as well as the residual variation coefficient, were reduced. The classification by the genetic value of the individuals in the progeny test was extremely altered for this data set with and without the use of covariates for sites A and D, as well as the genotype x environment interaction. The use of these two tools is of great importance in the analysis of data in *P. taeda* progeny tests, since the effects of competition can lead to mistakes in the selection of individuals and in the definition of improvement zones.

Keywords: spatial analysis, covariate, REML / BLUP, components of variance.

3.1. INTRODUÇÃO

Variação genética é a base para o trabalho do melhorista. Em programas de melhoramento genético florestal, a forma mais utilizada para distinção entre a variabilidade genética da ambiental é o teste de progênies. Este permite estimar parâmetros genéticos, fenotípicos e predizer o valor genético de um conjunto específico de indivíduos. Comumente são estabelecidos em parcelas lineares pequenas, variando de quatro a nove plantas (STOEHR et al., 2010). Com isso, há um acréscimo na eficiência estatística, pois reduzem a variância dentro do bloco, porém, aumentam a interação entre indivíduos vizinhos devido à competição (LEONARDECZ-NETO et al., 2003).

A competição é causada por fatores genéticos e ambientais e se dá devido aos genótipos e ao arranjo espacial das árvores vizinhas (CAPPA et al., 2016). Nos experimentos florestais é ocasionada principalmente pela falta de espaço induzida por uma alta densidade intraespecífica (LEONARDECZ-NETO et al., 2003) em que o crescimento dos indivíduos da parcela está correlacionado aos seus vizinhos, devido ao microambiente comum (PAVAN et al., 2012). Em parcelas lineares, essa competição pode ocorrer dentro das parcelas (competição intergenotípica) ou entre as parcelas experimentais (competição intragenotípica).

No entanto, nos modelos utilizados para análise de testes de progênies não é comum considerar os efeitos de competição, por não haver rotinas estabelecidas e a definição de métodos específicos para se corrigir esse tipo de interferência (PAVAN et al., 2012), o que implica na redução da capacidade de identificar a variação genética e a precisão da predição do valor genético (YE; JAYAWICKRAMA, 2008).

Essa interferência pode ocorrer no favorecimento de determinadas plantas em função da ausência de competição, devida às falhas no experimento ou por genótipos mais agressivos que tendem a ter as suas performances superestimadas uma vez que competem com genótipos mais sensíveis (RESENDE et al., 2005). A seleção de progênies também é influenciada, uma vez que os efeitos genéticos podem ser subestimados ou superestimados (RESENDE et al. 2016).

No geral, dois modelos de competição podem ser empregados: o modelo fenotípico, quando a competição ou interferência não tem controle genético, e que trata o valor fenotípico dos vizinhos como uma covariável; e o modelo genotípico, quando há controle genético na competição, o qual relaciona os efeitos genéticos dos vizinhos ao valor residual da planta (RESENDE et al., 2005).

Modelos genéticos de competição podem ser vistos em Resende et al. (2016) testando a competição intragenotípica em clones de *Eucalyptus*, Costa e Silva e Kerr (2013) utilizando dados simulados para modelagem e Cappa e Cantet (2008) em testes de *P. taeda* aos 13 anos de idade utilizando modelos que incorporam a competição em níveis genéticos e não genéticos. Modelos fenotípicos foram estudados por Leonardecz-Neto et al. (2003), que utilizaram para dados de DAP a covariável o índice de competição de Hegyi em diversas espécies florestais e Pavan et al. (2012), utilizando além desse índice outras seis covariáveis em testes de progênes de *Eucalyptus* para variável volume.

As variáveis DAP e volume são mais influenciadas pelo espaçamento e mais susceptíveis aos efeitos de competição que a variável altura (YE; JAYAWICKRAMA, 2008; STOEHR et al., 2010). Sendo DAP uma variável de fácil obtenção via mensuração direta e como as estimativas de volume são dependentes dessa variável, é preferível o ajuste de modelos fenotípicos de competição para DAP.

Assim, com uso de modelos de competição, espera-se isolar de forma mais eficiente a variação devida ao ambiente, fazendo com que a análise expresse de forma mais consistente a realidade experimental (LEONARDECZ-NETO et al., 2003). No entanto, saber qual covariável e como esta se ajusta de forma a representar, com fidelidade, o efeito biológico, é uma incógnita (PAVAN et al., 2012). Uma forma de diagnosticar a presença de efeitos de competição em ensaios de campo é a partir do coeficiente de correlação residual em que efeitos de competição entre plantas vizinhas causam autocorrelações negativas e a heterogeneidade espacial causa correlações positivas (RESENDE et al., 2005; CAPPA et al., 2016). Dessa forma, o objetivo do presente trabalho é avaliar a eficiência dos modelos fenotípicos de competição utilizando quatro covariáveis distintas, via análise espacial, na avaliação genética de teste de progênes de *P. taeda*.

3.2. MATERIAL E MÉTODOS

3.2.1. Área experimental e material genético

A área experimental está localizada nos municípios de Rio Negrinho e Lages no estado de Santa Catarina em região de planalto. O clima é classificado como Cfb segundo Köppen, subtropical úmido com verão ameno, sem estação seca (ALVARES et al., 2013). As regiões apresentam incidência de geada nos meses mais frios. Na TABELA 3.1 estão descritas as demais características e localização do experimento.

TABELA 3.1 - LOCALIZAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL DO TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda*.

	LOCAL A	LOCAL B	LOCAL C	LOCAL D
Município	Rio Negrinho/SC	Rio Negrinho/SC	Rio Negrinho/SC	Lages/SC
Altitude (m) ^{*1}	852	830	886	895
Solo	Cambissolo Háplico	Cambissolo Háplico	Cambissolo Húmico	Cambissolo Húmico
Declividade ^{*1}	Suave Ondulado	Forte Ondulado	Ondulado	Suave Ondulado
Precipitação média (mm)	1876	1876	1876	1854
Temperatura mínima (°C)	13,2	13,2	13,2	11,6
Temperatura máxima (°C)	22,1	22,1	22,1	21,2
Temperatura média (°C)	18,3	18,3	18,3	16,1

Nota: ^{*1}: característica avaliada no local do teste

O material genético de *P. taeda* L. é oriundo de um Pomar Clonal de 1ª geração instalado no ano de 1994, com material da origem Flórida, Louisiana e Geórgia, EUA, e procedência Zimbábwe, e de uma APS com material de procedência do Zimbábwe. Cerca de 75% das famílias que compõe o experimento são provenientes da APS. O teste de progênies de polinização aberta foi conduzido em quatro ambientes diferentes (Locais A, B, C e D) e a instalação ocorreu no ano de 2006 em delineamento de blocos casualizados, com sete repetições, parcelas lineares de seis plantas, espaçamento de 2,5 m x 2,0 m e com bordadura dupla. O teste instalado nos locais A, B e D possui 63 famílias e 53 famílias no local C, sendo 53 famílias comuns a todos os locais. Aos nove anos de idade foi efetuada a mensuração direta da variável diâmetro à altura do peito (DAP, cm) de todos os indivíduos em todos os locais de instalação do teste de progênies.

3.2.2. Estimativa da autocorrelação espacial

Os coeficientes de autocorrelação entre resíduos nos sentidos das linhas ou entre colunas (ρ_L), das colunas ou entre linhas (ρ_C) e o valor da estatística d para o teste de independência de resíduos de Durbin-Watson foram obtidos com auxílio do modelo estatístico 113 do software SELEGEN – REML/BLUP® (RESENDE, 2007a). O valor da estatística d é definido conforme descrito na equação 1, sendo L a ordem de posicionamento da parcela no experimento e r_i os resíduos ordenados no espaço. Os resíduos (r_i) foram obtidos via modelo 1 (equação 3) do software SELEGEN – REML/BLUP® considerando zero na análise.

A relação entre d e ρ é expressa pela equação 2.

$$d = \frac{\sum_{i=1}^n (r_i - r_{i-1})^2}{\sum_{i=1}^n r_i^2} \quad [1]$$

$$d = 2 (1 - \rho) \quad [2]$$

O valor calculado de d foi comparado com valores teóricos com $(n-1)$ graus de liberdade, em que n é o número de dados. Os valores de d_L (d inferior) e d_U (d superior) são fornecidos em tabelas associadas a certos níveis de significância. Para hipótese $H_0: \rho = 0$ não existe autocorrelação de resíduos. Para hipótese $H_a: \rho > 0$ a regra de decisão acerca de d é dada por: se $d \leq d_L$, rejeita H_0 e a autocorrelação é positiva; se $d \geq d_U$, aceita H_0 e a autocorrelação é nula e se $d_L < d < d_U$ o teste é inconclusivo. Para hipótese $H_a: \rho < 0$ a regra de decisão é equivalente, porém utilizando $(4-d)$ em vez de d (RESENDE, 2007b).

3.2.3. Estimativa de parâmetros genéticos

As análises genéticas dos testes de progênies foram efetuadas com o uso do software SELEGEN – REML/BLUP®. Para seleção de indivíduos e genitores em progênies de polinização aberta, no delineamento utilizado e por local foi utilizado o modelo estatístico 1 (equação 3) e para seleção nos quatro locais (análise conjunta) foi utilizado o modelo 4 (equação 4), em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos

efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios), e ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007a). Para as estimativas dos parâmetros genéticos não foram considerados os zeros nas análises.

$$y = Xr + Za + Wp + \varepsilon \quad [3]$$

$$y = Xr + Za + Wp + Ti + \varepsilon \quad [4]$$

3.2.4. Análise de covariância

As análises de covariâncias dos testes de progênie foram efetuadas por meio do software SELEGEN – REML/BLUP® utilizando o modelo estatístico 131 (equação 5), em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável Cov . As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007a). Para análise de covariância não foram considerados os zeros.

$$y = Xr + \beta Cov + Za + Wp + \varepsilon \quad [5]$$

Os pressupostos para análise de covariância são: (I) os valores da covariável são fixos, medidos sem erro e independente dos tratamentos; (II) a regressão entre a covariável e a variável de interesse, após remoção das diferenças de blocos e tratamentos, é linear e independente de blocos e tratamentos; (III) o resíduo é normalmente e independentemente distribuído, com média zero e variância comum (RESENDE, 2002; PALLANT, 2010; RAMALHO et al., 2012).

Testaram-se três covariáveis com base no desempenho das árvores vizinhas e uma covariável com base no número de plantas vizinhas.

3.2.5. Índice de competição de Hegyi (*IC*)

Média de competição (*IC*) por meio das distâncias e do desempenho dos oito possíveis vizinhos da planta alvo *i* (LEONARDECZ-NETO et al., 2003). A expressão para cálculo é dada pela equação 6, em que IC_i é o índice de competição da planta alvo *i*, Y_i é o valor observado da planta alvo *i*, Y_j é o valor observado da planta competidora *j* e D_{ij} é a distância entre as plantas *i* e *j*.

$$IC_i = (\sum_{j=1}^8 Y_j / Y_i) / D_{ij} \quad [6]$$

3.2.6. Média da autocompetição (*MAT*)

Média aritmética da característica silvicultural das árvores autocompetidoras (PAVAN et al., 2012), pertencentes ao mesmo material genético (equação 7), sendo Y_j o valor observado da planta autocompetidora *j* e *n* o número de plantas autocompetidoras.

$$MAT = (\sum_{j=1}^2 Y_j) / n \quad [7]$$

3.2.7. Média da Alocompetição (*MAL*)

Média aritmética da característica silvicultural das árvores alocompetidoras (PAVAN et al., 2012), pertencentes a material genético diferente (equação 8), sendo Y_j o valor observado da planta alocompetidora *j* e *n* o número de plantas alocompetidoras.

$$MAL = (\sum_{j=1}^7 Y_j) / n \quad [8]$$

3.2.8. Número de plantas vizinhas (NV)

Soma algébrica do número de plantas vizinhas sobreviventes (equação 9), sendo n a planta vizinha sobrevivente (RESENDE, 2002).

$$NV = \sum_{j=1}^8 (n) \quad [9]$$

3.2.9. Ajuste dos valores fenotípicos

Com base no valor da covariável de cada indivíduo (x_{ij}), do valor médio da covariável (\bar{x}) e do coeficiente de regressão residual (β) entre a covariável e os dados de DAP; os valores fenotípicos para cada indivíduo sobrevivente foram ajustados conforme equação 10 para as covariáveis *IC*, *MAT* e *MAL* e equação 11 (RESENDE, 2002) para covariável *NV*, sendo Y_{ij} o valor fenotípico medido para cada indivíduo e Y_{ijc} o valor fenotípico ajustado para cada indivíduo.

$$Y_{ijc} = Y_{ij} - \beta (x_{ij} - \bar{x}) \quad [10]$$

$$Y_{ijc} = Y_{ij} - \beta (x_{ij} - 8) \quad [11]$$

3.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.3.1. Análise do efeito competitivo

A maior causa da interferência encontrada nos quatro testes de progênies foi devido a falhas do experimento, causando ausência de competição e favorecendo indivíduos isolados. No local A o favorecimento foi intensificado pela presença de três famílias que tiveram seu desempenho muito inferior às demais em todo o teste. A mortalidade foi influenciada pelo material genético para os testes no local A e C (TABELA 3.2 e APÊNDICE 1). Já o efeito de competição foi aleatório em todos os testes, não apresentando tendência para uma ou outra família.

TABELA 3.2 - ANÁLISE DE DEVIANCE PARA SOBREVIVÊNCIA EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* AOS 9 ANOS DE IDADE NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

Local	SOBREVIVÊNCIA (%)	LTR
A	87,6	105,49**
B	91,9	1,47 ^{ns}
C	93,1	4,02**
D	91,3	2,37 ^{ns}

Onde: LTR: Teste da razão da verossimilhança; ** e ^{ns}: significativo e não significativo a 5% pelo teste do qui-quadrado com 1 grau de liberdade, respectivamente.

3.3.2. Pressupostos para análise de covariância

Os coeficientes de regressão residual (β) para as covariáveis média da alocompetição (*MAL*) e número de plantas vizinhas (*NV*) não apresentaram interação entre covariável e DAP em todos os locais. A covariável média da autocompetição (*MAT*) apresentou interação significativa entre covariável x tratamento para os locais A, B e D. O mesmo ocorreu para índice de competição de Hegyi (*IC*) para o local B. Houve significância dos coeficientes β para todas as covariáveis e esses se apresentaram negativos para as covariáveis testadas (TABELA 3.3).

TABELA 3.3 - COEFICIENTE DE REGRESSÃO RESIDUAL (β) ENTRE COVARIÁVEL E OS DADOS DE DAP E VALOR MÉDIO DA COVARIÁVEL (\bar{x}) EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

Covariável	IC		MAT		MAL		NV	
Local	β	\bar{x}	β	\bar{x}	β	\bar{x}	β	\bar{x}
A	-4,15*	2,72	-	-	-0,31*	17,18	-0,11*	7,22
B	-	-	-	-	-0,05*	16,99	-0,19*	7,58
C	-3,91*	2,87	-0,11*	17,57	-0,29*	17,52	-0,46*	7,47
D	-3,99*	2,86	-	-	-0,19*	17,84	-0,39*	7,58

*: valores significativos a 5% de probabilidade.

Onde: IC: índice de competição de Hegyi; MAT: média da autocompetição; MAL: média da alocompetição; NV: número de plantas vizinhas; IC/MAL: combinação das covariáveis índice de competição de Hegyi e média da alocompetição

Como nos trabalhos de Leonardecz-Neto et al. (2003) e Pavan et al. (2012), para as covariáveis calculadas com base no desempenho das árvores vizinhas, os

pressupostos para análise de covariância não são satisfeitos na íntegra, uma vez que não atendem completamente a primeira condição da análise de covariância. Para minimizar essa implicação, não foram utilizadas as covariáveis em que os coeficientes de regressão residual não foram significativos ou apresentaram interação significativa com os tratamentos (TABELA 3.3). Os mesmos autores citam que a utilização de índices contendo erros de estimativas e dependentes dos dados, não deve ser a única ou a principal preocupação para realização de uma análise confiável. A escolha adequada do local para a realização dos experimentos, a redução da variância do erro experimental e de blocos são tão ou mais importantes do que o erro associado à covariável.

3.3.3. Modelos fenotípicos de competição para os locais A e D

O coeficiente de autocorrelação entre resíduos no sentido das colunas (ρ_c) foi negativo, significativo e valor da estatística d maior que dois para os locais A e D para os dados de DAP sem ajuste. O mesmo foi observado para o sentido das linhas (ρ_L) (TABELA 3.4). Valores de ρ_c e ρ_L negativos e significativos são indicativos da presença de competição nos testes de progênies estudados, pois efeitos de competição entre plantas vizinhas causam autocorrelações negativas e valores da estatística d maiores que dois. A heterogeneidade espacial causa correlações positivas (RESENDE et al., 2005; CAPPA et al., 2016).

Os locais apresentaram a mesma tendência no comportamento das progênies após as análises de covariância. Os coeficientes ρ_c e ρ_L foram negativos e significativos para os locais A e D quando os dados foram ajustados via covariável *NV*. Essa covariável praticamente não alterou os componentes de variância e parâmetros genéticos quando comparados com os dados originais (TABELA 3.4). O ajuste utilizando a covariável *MAL* apresentou ρ_c negativo e significativo e proporcionou aumento na σ^2_e , redução na σ^2_f e no c^2_{parc} . A obtenção do valor desta covariável considera somente a competição entre parcelas, não corrigindo assim a competição intragenotípica. O ρ_L indicou ausência de competição intergenotípica, indicando que essa covariável corrigiu os dados entre parcelas para os testes dos locais A e D, o que pode ser verificado também pela redução na σ^2_{parc} (TABELA 3.4).

TABELA 3.4 – COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS, COEFICIENTES DE AUTOCORRELAÇÃO ENTRE RESÍDUOS NOS SENTIDOS DAS LINHAS (ρ_L), DAS COLUNAS (ρ_C) E VALOR DA ESTATÍSTICA D PARA LINHAS E COLUNAS; COM E SEM O USO DE COVARIÁVEIS PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* PLANTADO EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

	LOCAL A				LOCAL D			
	Sem ajuste	IC	NV	MAL	Sem ajuste	IC	NV	MAL
σ^2_a	7,34	2,28	7,30	4,10	3,00	0,79	3,01	2,71
σ^2_{parc}	0,76	0,78	0,78	0,10	0,46	0,74	0,43	0,38
σ^2_e	9,26	2,23	9,27	10,35	6,71	1,67	6,67	6,79
σ^2_f	17,36	5,29	17,35	14,55	10,17	3,20	10,11	9,89
h^2_a	0,42	0,43	0,42	0,28	0,29	0,25	0,30	0,27
	$\pm 0,07$	$\pm 0,08$	$\pm 0,08$	$\pm 0,08$	$\pm 0,07$	$\pm 0,06$	$\pm 0,07$	$\pm 0,07$
c^2_{parc}	0,04	0,15	0,04	0,01	0,05	0,23	0,04	0,04
h^2_{mp}	0,80	0,74	0,80	0,75	0,70	0,51	0,70	0,69
AC_{prog}	0,89	0,86	0,89	0,87	0,83	0,72	0,84	0,83
h^2_{ad}	0,37	0,43	0,37	0,23	0,25	0,26	0,25	0,23
$CV_{g\%}$	13,63	7,65	13,67	10,08	8,91	4,57	9,00	8,47
$CV_{e\%}$	9,04	6,06	9,10	7,61	7,19	5,45	7,19	7,01
CV_r	0,75	0,63	0,75	0,66	0,60	0,42	0,63	0,60
u	19,87	19,73	19,77	20,09	19,43	19,40	19,27	19,43
ρ_c	-0,15*	0,00 ^{ns}	-0,15*	-0,14*	-0,09*	0,02 ^{ns}	-0,07*	-0,11*
d_{coluna}	2,30*	2,00 ^{ns}	2,30*	2,28*	2,18*	1,95 ^{ns}	2,15*	2,21*
ρ_L	-0,04*	0,09*	-0,04*	0,02 ^{ns}	-0,06*	0,09*	-0,05*	-0,03 ^{ns}
d_{linha}	2,07*	1,81*	2,07*	1,96 ^{ns}	2,13*	1,82*	2,11*	2,06 ^{ns}

* e ^{ns}: valores significativos e não significativos a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste de Durbin-Watson.

Onde: IC: índice de competição de Hegyi; MAL: média da alocompetição; NV: número de plantas vizinhas; σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual dentro da parcela (ambiental + genética não aditiva); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênie; AC_{prog} : acurácia da seleção de progênies h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; $CV_{e\%}$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativo; u = Média geral do experimento.

A covariável IC resultou em ρ_c não significativo e ρ_L significativo e positivo, indicando ausência de competição entre linhas e heterogeneidade ambiental entre colunas, respectivamente. Ye e Jayawickrama (2008) obtiveram coeficientes de autocorrelação médio de 0,75, indicando forte variação ambiental, sendo a heterogeneidade ambiental a maior fonte de interferência nos testes de progênies avaliados pelos autores.

Essa heterogeneidade ambiental reflete as mudanças dos componentes de variância após o ajuste usando a covariável *IC* quando comparados com os dados originais, em que houve pequeno aumento na variância ambiental entre parcelas (σ^2_{parc}) e ampla redução na variância fenotípica individual (σ^2_f), ocasionando um aumento do coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parc}) em ambos os locais. A ausência da correlação entre as linhas condiz com uma expressiva redução na variância residual dentro da parcela (σ^2_e) (TABELA 3.4). Também houve redução na variância genética aditiva (σ^2_a), ou seja, os dados ajustados apresentam menor amplitude entre os melhores e piores materiais genéticos (TABELA 3.4). Assim como no trabalho de Pavan et al. (2012), o *IC* foi a covariável que alterou de forma mais pronunciada os componentes de variância, indicando grande influência ambiental nos testes de progênies devido a competição entre e dentro de famílias.

Martinez et al. (2012) obtiveram média de herdabilidade individual (h^2_a) próxima de 0,3 e c^2_{parc} considerados como de baixa magnitude. Conforme citado no trabalho de Sturion e Resende (2005) consideram baixo c^2_{parc} menores que 0,10 para valores de herdabilidade próximos a 0,30. O teste no local A, para os dados ajustados via *IC*, apresentou alto valor de h^2_a (0,43) e c^2_{parc} de 0,15 e coeficiente de variação residual ($CV_{e\%}$) de 6% e, o local D, apresentou moderada h^2_a (0,24) e c^2_{parc} de 0,23 e coeficiente de variação residual ($CV_{e\%}$) de 5,5% (TABELA 3.4). Embora o c^2_{parc} esteja ligeiramente acima do recomendado, a melhoria no $CV_{e\%}$ e ausência dos efeitos de competição justificam o uso da covariável *IC* na seleção para os dois locais.

3.3.4. Modelos fenotípicos de competição para os locais B e C

O coeficiente de autocorrelação entre resíduos no sentido das colunas (ρ_c) foi negativo, significativo e valor da estatística *d* maior que dois para os locais B e C para os dados de DAP sem ajuste. O local B apresentou ρ_L nulo, ou seja, ausência de correlação e o local C negativo e significativo (TABELA 3.5).

Nestes locais, a covariável *NV* corrigiu os dados para os efeitos de competição, apresentando ρ_c e ρ_L não significativos e os parâmetros genéticos foram similares aos parâmetros do conjunto de dados sem ajuste. A covariável *MAL*

exibiu ρ_L não significativo e ρ_c negativo e significativo e, que conforme o ocorrido nos locais A e D, aumento na σ^2_e e redução na σ^2_{parc} . O mesmo ocorreu com o uso desta covariável no local C (TABELA 3.5).

TABELA 3.5 – COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS, COEFICIENTES DE AUTOCORRELAÇÃO ENTRE RESÍDUOS NOS SENTIDOS DAS LINHAS (ρ_L), DAS COLUNAS (ρ_C) E VALOR DA ESTATÍSTICA D PARA LINHAS E COLUNAS; COM E SEM O USO DE COVARIÁVEIS PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* PLANTADO EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

	LOCAL B			LOCAL C				
	Sem ajuste	NV	MAL	Sem ajuste	IC	MAT	NV	MAL
σ^2_a	3,59	3,51	3,41	3,09	0,58	3,18	2,87	2,20
σ^2_{parc}	0,24	0,26	0,22	0,05	0,67	0,32	0,05	0,04
σ^2_e	7,74	7,77	8,04	12,04	2,86	8,42	12,13	12,35
σ^2_f	11,57	11,54	11,67	15,18	4,11	11,92	15,04	14,59
h^2_a	0,31	0,30	0,29	0,20	0,14	0,26	0,19	0,15
	$\pm 0,06$	$\pm 0,06$	$\pm 0,06$	$\pm 0,06$	$\pm 0,05$	$\pm 0,07$	$\pm 0,05$	$\pm 0,05$
c^2_{parc}	0,02	0,02	0,02	0,00	0,16	0,03	0,00	0,00
h^2_{mp}	0,76	0,76	0,75	0,69	0,46	0,72	0,67	0,62
Ac_{prog}	0,87	0,87	0,87	0,83	0,67	0,85	0,82	0,79
h^2_{ad}	0,26	0,25	0,24	0,16	0,13	0,22	0,15	0,12
$CV_{e\%}$	7,72	7,72	7,75	8,31	5,84	7,56	8,39	8,19
CV_r	0,67	0,66	0,65	0,56	0,35	0,61	0,54	0,48
u	18,22	18,14	18,21	18,81	18,91	19,25	18,56	18,81
ρ_c	-0,18*	-0,04 ^{ns}	-0,19*	-0,06*	0,06*	-0,02 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	-0,07*
d_{coluna}	2,37*	2,07 ^{ns}	2,37*	2,12*	1,87*	2,05 ^{ns}	2,07 ^{ns}	2,13*
ρ_L	0,00 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,00 ^{ns}	-0,06*	0,11*	0,00 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	0,00 ^{ns}
d_{linha}	2,00 ^{ns}	1,98 ^{ns}	2,00 ^{ns}	2,12*	1,78*	2,00 ^{ns}	2,07 ^{ns}	1,99 ^{ns}

* e ^{ns}: valores significativos e não significativos a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste de Durbin-Watson. Onde: IC: índice de competição de Hegyi; MAT: média da autocompetição; MAL: média da alocompetição; NV: número de plantas vizinhas; σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual dentro da parcela (ambiental + genética não aditiva); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênie; Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; $CV_{e\%}$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativo; u = Média geral do experimento.

A covariável *MAT* também corrigiu os dados para os efeitos de competição para o local C, proporcionando aumento no σ^2_{parc} , redução no σ^2_e , σ^2_f e um ligeiro aumento em c^2_{parc} . Para esse local, duas covariáveis corrigiram os dados para os efeitos de competição com componentes de variância similares, assim, a escolha acerca do uso da covariável a ser utilizada na seleção pode ser efetuada com base

na qual oferece maior herdabilidade individual (h^2_a) e menor $CV_{e\%}$, no caso o conjunto de dados ajustado pela *MAT* (TABELA 3.5).

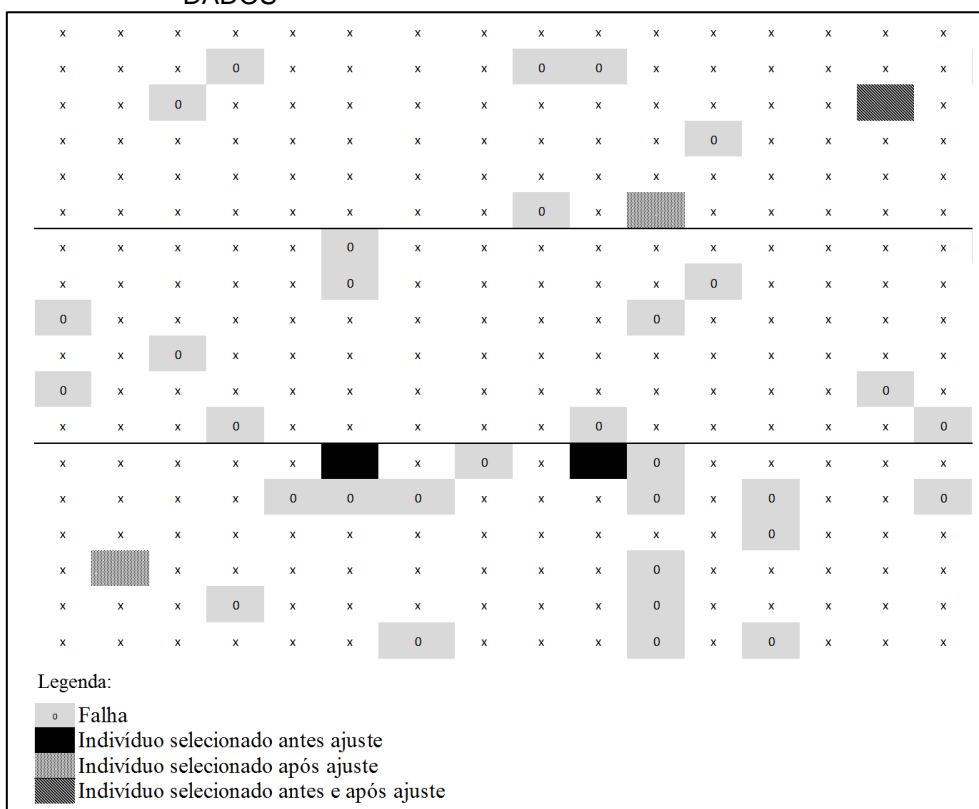
No geral, o $CV_{e\%}$ se manteve o mesmo ou foi reduzido nos testes em que a condição de não competição foi atendida, mostrando que o ajuste de dados ofereceu boa precisão experimental. No geral, os coeficientes de variação experimental foram reduzidos com o uso de covariáveis, como nos trabalhos de Leonardecz-Neto et al. (2003), Ye e Jayawickrama (2008) e Pavan et al. (2012),

Os valores de herdabilidade individual (h^2_a), herdabilidade média de progênies (h^2_{mp}) e herdabilidade aditiva dentro de parcela (h^2_{ad}) não sofreram alterações pela análise sem ajuste e com ajuste por covariáveis (TABELA 3.5). Resultados semelhantes foram observados por Resende et al. (2005) testando diversos modelos de competição em experimento com *Eucalyptus maculata*. O autor não obteve reduções nas estimativas de herdabilidade entre a análise tradicional e diversos modelos de competição testados, isso porque no conjunto de dados estudados a competição foi meramente ambiental.

3.3.5. Resposta à seleção individual

Os valores genéticos preditos para DAP utilizando dados com ajuste sofreram redução para o local A e para o local D, ou seja, os ganhos com a seleção seriam superestimados nesses locais sem o ajuste dos dados. Para esses locais somente oito indivíduos dos vinte com maiores valores genéticos estão presentes nos dois conjuntos de dados (TABELA 3.6). Alguns indivíduos que seriam selecionados sem o ajuste dos dados, principalmente os que estavam próximos às falhas, não o foram mais após o ajuste dos dados. Porém, alguns indivíduos que foram selecionados antes do ajuste dos dados que não estavam próximos às falhas continuaram na seleção (FIGURA 3.1).

FIGURA 3.1 – DETALHE DO TESTE DE PROGÊNIES INSTALADO NO LOCAL A EM QUE DEMONSTRA OS INDIVÍDUOS QUE SERIAM SELECIONADOS ANTES DO AJUSTE, APÓS O AJUSTE E QUE PERMANECERAM SELECIONADOS APÓS O AJUSTE DOS DADOS



Para o local B houve uma pequena redução nos valores genéticos e no local C o ajuste para os efeitos de competição aumentou o valor genético predito. No local B somente 5% dos indivíduos não são os mesmos para os conjuntos de dados com e sem ajuste e no local C 30% (TABELA 3.7). Com isso, verifica-se que os materiais genéticos têm respostas diferenciadas às condições edafoclimáticas, e que podem ter aptidões diferenciadas, com alguns apresentando aumento no crescimento, pela ausência de competição causada pela falha de plantas vizinhas (PAVAN et al., 2012).

TABELA 3.6 – CLASSIFICAÇÃO DOS VINTE MELHORES INDIVÍDUOS POR EFEITOS GENÉTICOS PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. TAEDA* PLANTADO EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

Local A sem ajuste				Local A com ajuste				Local D sem ajuste				Local D com ajuste			
BL	FAM	ARV	a	BL	FAM	ARV	a	BL	FAM	ARV	a	BL	FAM	ARV	a
2	40	4	6,018	3	27	3	3,249	1	18	3	3,821	1	60	2	2,283
3	27	3	5,098	1	46	2	2,808	1	60	2	3,716	1	8	5	2,234
2	34	1	5,0635	6	29	1	2,780	1	12	3	3,492	1	12	3	2,029
4	43	2	4,7777	3	34	3	2,714	4	33	3	3,077	6	60	5	1,686
5	42	6	4,7323	1	19	3	2,671	1	18	5	3,023	1	18	3	1,534
4	61	6	4,6332	4	46	3	2,651	3	38	1	2,992	6	42	5	1,480
6	29	1	4,4621	1	27	3	2,644	6	60	5	2,916	2	19	6	1,455
5	40	1	4,4458	2	34	1	2,625	6	42	5	2,856	4	33	3	1,437
3	34	3	4,4054	7	15	2	2,622	2	19	6	2,789	3	38	1	1,418
5	43	1	4,3634	2	18	5	2,573	1	38	6	2,696	5	51	3	1,350
2	47	4	4,2686	3	47	6	2,570	2	42	4	2,653	6	38	2	1,317
1	40	6	4,2059	6	34	4	2,556	6	27	1	2,582	1	29	5	1,313
1	27	3	4,2015	4	43	2	2,541	5	42	1	2,472	3	42	4	1,309
6	59	1	4,1781	3	15	1	2,454	1	38	4	2,458	1	9	5	1,280
2	18	5	4,1408	7	21	4	2,448	1	29	1	2,454	1	38	4	1,277
2	34	3	4,1315	1	34	2	2,443	4	38	4	2,450	1	38	6	1,274
5	31	1	4,125	7	61	1	2,438	4	42	3	2,429	1	13	4	1,271
5	50	5	4,1078	5	18	4	2,433	4	60	2	2,403	6	38	5	1,244
7	56	4	4,0506	4	34	1	2,429	1	42	5	2,371	2	63	4	1,214
7	34	6	4,0342	4	61	6	2,417	6	38	4	2,344	5	30	4	1,208

Onde: BL: bloco; FAM: família; ARV: árvore; a: efeito genético predito

TABELA 3.7 – CLASSIFICAÇÃO DOS VINTE MELHORES INDIVÍDUOS POR EFEITOS GENÉTICOS PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. TAEDA* PLANTADO EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

Local B sem ajuste				Local B com ajuste				Local C sem ajuste				Local C com ajuste			
BL	FAM	ARV	a	BL	FAM	ARV	a	BL	FAM	ARV	a	BL	FAM	ARV	a
7	38	4	3,926	7	38	4	3,874	4	42	3	3,190	1	52	6	3,508
5	17	6	3,565	6	38	3	3,540	7	42	1	2,992	4	42	3	3,339
6	38	3	3,550	5	17	6	3,480	1	42	3	2,990	1	42	3	3,191
4	59	5	3,442	4	59	5	3,278	3	42	4	2,890	7	27	6	3,152
6	60	6	3,427	6	60	6	3,270	2	42	6	2,857	3	42	4	3,091
6	38	2	3,305	6	38	2	3,261	6	42	4	2,832	7	42	1	3,061
6	39	3	3,297	6	39	3	3,236	2	42	2	2,805	2	42	2	3,021
5	38	3	3,250	6	38	5	3,211	1	52	6	2,758	7	35	1	3,007
6	38	5	3,222	5	38	3	3,190	7	35	1	2,746	6	42	4	2,983
5	43	1	3,159	2	38	6	3,150	7	35	6	2,694	7	35	6	2,963
2	38	6	3,140	5	43	1	3,100	6	42	6	2,677	4	45	5	2,893
3	38	4	2,972	3	38	4	2,991	7	42	3	2,631	1	48	1	2,863
4	38	2	2,965	4	38	2	2,975	4	45	5	2,616	6	42	6	2,762
1	42	1	2,938	6	26	6	2,919	7	27	6	2,577	2	27	3	2,756
6	26	6	2,906	7	42	6	2,890	1	48	1	2,506	7	42	3	2,663
7	42	6	2,899	1	42	1	2,878	6	42	2	2,420	2	52	6	2,592
5	42	4	2,898	2	38	3	2,820	5	42	5	2,405	2	42	6	2,580
5	33	2	2,827	5	33	2	2,809	7	42	6	2,374	6	27	5	2,569
7	29	4	2,813	7	29	4	2,800	1	42	1	2,271	7	27	3	2,555
2	38	3	2,8125	1	38	4	2,796	3	42	3	2,221	5	27	6	2,540

Onde: BL: bloco; FAM: família; ARV: árvore; a: efeito genético predito

3.3.6. Correlação entre locais

Os componentes de variância e parâmetros genéticos para análise conjunta, contemplando os quatro locais, foram estimados para os dados de DAP com e sem ajuste (TABELA 3.8). O valor da h^2_a para o conjunto de dados sem ajuste foi maior que para os dados ajustados (TABELA 3.8), pois a estimativa da herdabilidade individual no sentido restrito média nos ambientes é influenciada pela interação genótipo x ambiente.

A correlação genética entre o desempenho das progênies nos quatro ambientes foi alta (0,80) para os dados de DAP sem ajuste (TABELA 3.8), sendo esse o mesmo valor encontrado em testes de *P. taeda* em quatro locais (distribuídos nos municípios de Otacílio Costa/SC e Telêmaco Borba/PR) no trabalho de Martinez et al. (2012). Assim como no trabalho supracitado, a variância da interação genótipo

x ambiente foi de baixa magnitude (0,21), que resultou em baixo coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente (0,03). Para os dados de DAP ajustados, a correlação entre os quatro locais foi baixa magnitude (0,52), indicando perdas no ganho com a seleção em um local para uso em locais distintos, pois os melhores indivíduos em ambiente podem não sê-los em outro (RESENDE, 2007b) (TABELA 3.8).

Ressalta-se que se os dados não forem corrigidos para o efeito de competição, erroneamente seria estabelecida somente uma zona de melhoramento para os locais testados. Ao se corrigir os dados para os efeitos de competição, para maior eficiência de ganhos indiretos, duas zonas de melhoramento devem ser estabelecidas, os locais B e C e outra para os locais A e D (TABELA 3.9).

TABELA 3.8 – COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS ESTIMADOS ATRAVÉS DA ANÁLISE CONJUNTA PARA DIÂMETRO EM UM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* PLANTADO EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

Parâmetro/ Comp. Var.	Análise Conjunta sem ajuste	Análise conjunta com ajuste
σ^2_a	4,26	0,93
σ^2_{parc}	0,32	0,44
σ^2_e	8,27	6,34
σ^2_f	13,11	7,92
h^2_a	0,32	0,12
c^2_{parc}	0,02	0,06
h^2_{mp}	0,87	0,66
Ac_{prog}	0,93	0,82
h^2_{ad}	0,28	0,10
u	19,07	19,16

Onde: σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual dentro da parcela (ambiental + genética não aditiva); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênie; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; u = Média geral do experimento; Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies.

TABELA 3.9 – CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE LOCAIS E HERDABILIDADES ESTIMADAS POR MEIO DE ANÁLISE CONJUNTA PARA DIÂMETRO EM UM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* NO ESTADO DE SANTA CATARINA

Locais	Correlação genética	h^2_a
A e D	0,81	0,13
B e C	0,75	0,19
A, B e C	0,61	0,14
B, C e D	0,53	0,12
A e B	0,51	0,11
A e C	0,50	0,12
A, C e D	0,48	0,10
C e D	0,33	0,08
B e D	0,24	0,05

3.4. CONCLUSÕES

Os modelos fenotípicos de competição utilizando covariáveis são eficientes para correção dos dados para os efeitos de competição, sendo que a covariável *IC* foi mais eficiente para o teste nos locais A e D, a covariável *NV* para o teste no local B e a covariável *MAT* para o teste no local C. Ou seja, não há um único modelo que se ajuste a todos os locais, tornando necessário examinar individualmente qual a covariável que se ajusta melhor ao conjunto de dados com base nos coeficientes de autocorrelação e componentes de variância;

O coeficiente de autocorrelação residual e teste de Durbin-Watson podem ser utilizados para identificar a presença ou não de competição em testes de progênies de *P. taeda* e a efetividade da covariável utilizada no modelo;

O uso de modelos fenotípicos de competição utilizando covariáveis e da análise espacial é de suma importância na análise de dados em testes de progênies de *P. taeda*, pois há uma grande discrepância na classificação individual das progênies, nos efeitos genotípicos e na definição das zonas de melhoramento entre os dados não ajustados e os ajustados para os efeitos de competição.

REFERÊNCIAS

ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; de MORAES, G.; LEONARDO, J.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.

CAPPA, E. P.; CANTET, R. J. Direct and competition additive effects in tree breeding: Bayesian estimation from an individual tree mixed model. **Silvae Genetica**, v. 57, n. 2, p. 45-55, 2008.

CAPPA, E. P., STOEHR, M. U., XIE, C. Y., & YANCHUK, A. D. Identification and joint modeling of competition effects and environmental heterogeneity in three Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* var. *menziesii*) trials. **Tree Genetics & Genomes**, v. 12, n. 6, p. 102, 2016.

COSTA e SILVA, J. e KERR, R. Accounting for competition in genetic analysis, with particular emphasis on forest genetic trials. **Tree Genetics & Genomes**, v. 9, n. 1, p. 1-17, 2013.

LEONARDECZ-NETO, E.; VENCOVSKY, R.; SEBBENN, A. M. Ajuste para a competição entre plantas em teste de progênies e procedências de essências florestais. **Scientia Forestalis**, n. 63, p. 136-149, 2003.

MARTINEZ, D.T.; RESENDE, M. D. V.; COSTA, R. B. da; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A. dos; FIER, I. S. N. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. **Floresta**, v. 42, n. 3, p. 539 - 552, 2012.

PALLANT, J. **SPSS survival manual: A step by step guide to data analysis using SPSS**. Maidenhead, 2010. 354 p.

PAVAN, B. E.; DE PAULA, R. C.; PERECIN, D.; CANDIDO, L. S.; SCARPINATI, E. A. Efeito competitivo em testes de progênies de eucalipto. **Ciência Florestal**, v. 22, n. 3, p. 433-443, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3ª Ed. Lavras: Editora UFLA, 2012. 305 p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa. Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. **Selegen-Reml/Blup: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 361 p.

RESENDE, M.D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 362p.

RESENDE, M.D. V.; STRINGER, J.; CULLIS, B.; THOMPSON, R. joint modelling of competition and spatial variability in forest field trials. **Revista Matemática e Estatística**, v.23, n.2, p.7-22, 2005.

RESENDE, R. T.; MARCATTI, G. E.; PINTO, D. S.; TAKAHASHI, E. K.; CRUZ, C.D.; RESENDE, M. D. V. Intra-genotypic competition of *Eucalyptus* clones generated by environmental heterogeneity can optimize productivity in forest stands. **Forest Ecology and Management**, v. 380, p. 50-58, 2016.

STOEHR, M.; BIRD, K.; NIGH, G.; WOODS, J.; YANCHUK, A. Realized genetic gains in coastal Douglas-fir in British Columbia: implications for growth and yield projections. **Silvae Genetica**, v. 59, n. 5, p. 223-233, 2010.

STURION, J. A. e RESENDE, M. D. V. Eficiência do delineamento experimental e capacidade de teste no melhoramento genético da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil). **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 50, p. 3-10, 2005.

YE, T. Z. e JAYAWICKRAMA, K. J. S. Efficiency of using spatial analysis in first-generation coastal Douglas-fir progeny tests in the US Pacific Northwest. **Tree Genetics & Genomes**, v. 4, n. 4, p. 677–692, 2008.

CAPÍTULO II
INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE NA SELEÇÃO DE *Pinus taeda* L. PARA
FORMAÇÃO DE POMARES CLONAIS DE SEMENTES COM BASE EM
CARACTERES DE CRESCIMENTO

4. INTERAÇÃO GENÓTIPO X AMBIENTE NA SELEÇÃO DE *Pinus taeda* L. PARA FORMAÇÃO DE POMARES CLONAIS DE SEMENTES COM BASE EM VARIÁVEIS DE CRESCIMENTO

RESUMO

Uma das etapas de grande importância em um programa de melhoramento genético consiste na avaliação dos genótipos em um grande número de ambientes, uma vez que pode existir distinção no desempenho dos genótipos nos diferentes locais testados devido à interação genótipo x ambiente. Assim, o trabalho teve como objetivo determinar a interação genótipo x ambiente, para variável DAP em progênies de *Pinus taeda* para formação de pomares clonais de sementes de gerações avançadas. Para isso, avaliou-se um teste de progênies de *P. taeda* plantado em quatro diferentes locais no estado de Santa Catarina. O teste foi implantado em 2006 em delineamento de blocos casualizados, com sete repetições, parcelas lineares de seis plantas e espaçamento de 2,5 m x 2,0 m com 53 famílias comuns a todos os testes. Aos nove anos de idade foi efetuada a mensuração da variável diâmetro à altura do peito de todos os indivíduos. As estimativas de componentes de variância, parâmetros genéticos e distâncias genéticas foram efetuados utilizando o software Selegen REML/BLUP®. Foi detectada interação genótipo x ambiente considerando os quatro locais, sendo necessária a definição de duas zonas de melhoramento para minimizar os efeitos da dessa interação. A base genética estudada é bastante restrita e devido a isso a estratégia indicada é a formação de pomares clonais de sementes com no máximo 100 indivíduos, com restrição de no máximo quatro indivíduos por família, contemplando a seleção somente das famílias superiores pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG). Recomendam-se cruzamentos controlados entre progênies das famílias com maiores distâncias genéticas.

Palavras chave: adaptabilidade, estabilidade, divergência genética, agrupamento

ABSTRACT

One of the most important steps in a breeding program is the evaluation of genotypes in a large number of environments, since there may be a distinction in the performance of the genotypes in different sites tested due to genotype x environment interaction. Thus, this study aimed to determine the genotype x environment interaction for the DBH feature in *Pinus taeda* progenies aiming the establishment of advanced generation clonal seed orchards. For this, a progeny test of *P. taeda* planted at four different sites in the state of Santa Catarina was evaluated. The test was implemented in 2006 in a randomized complete block design with seven replicates, six plant linear plots and spacing of 2.5 m x 2.0 m with 53 families common to all tests. At nine years of age, the diameter at the breast height variable of all individuals was measured. Estimates of variance components, genetic parameters and genetic distances were performed using the Selegen REML / BLUP® software. Genotype x environment interaction was detected considering the four sites, so it is necessary to consider the definition of two breeding zones to minimize the effects of this interaction. The genetic base studied is very restricted and due to this the strategy indicated is the formation of clonal seed orchards with a maximum of 100 individuals, and a maximum of four individuals per family. Only the elite families selected by the harmonic mean of the relative performance of the genetic values (MHPRVG). Controlled crosses between progenies of families with broader genetic distances will be considered is suggested to generate improved seeds

Key words: adaptability, stability, genetic divergence, clustering

4.1. INTRODUÇÃO

Uma das etapas mais importantes em um programa de melhoramento genético consiste na avaliação dos genótipos em um grande número de ambientes, uma vez que pode existir distinção no desempenho dos genótipos nos locais testados. Este fato é decorrente da interação genótipo x ambiente (BARROS et al., 2008). Ocorrendo interação significativa, diferentes estratégias de melhoramento devem ser adotadas, de modo a explorar os efeitos positivos em cada ambiente (PIRES et al., 2011). Não acontecendo interação, uma única zona de melhoramento pode ser formada para suprir a demanda de sementes nos ambientes testados.

As zonas de melhoramento são estabelecidas de modo que, dentro delas, a interação genótipo x ambiente seja mínima. Porém, mesmo dentro dessas zonas é importante optar pela seleção de materiais com maiores estabilidade e adaptabilidade (RESENDE, 2002). Adaptabilidade de um genótipo refere-se a sua capacidade de aproveitar vantajosamente as variações ambientais e estabilidade a sua capacidade de apresentar um comportamento altamente previsível em função das alterações ambientais, ambos dependem da constituição genética (RESENDE, 2007b). Essa avaliação da adaptabilidade e estabilidade deve ser realizada tendo como foco aumentar a produtividade, reduzindo custos na implantação futura (MARTINEZ et al., 2012).

Quando o objetivo do melhoramento se concentra na produtividade, as principais variáveis avaliadas são DAP, altura e volume. Dentre essas, o DAP é a variável mais utilizada para fins de seleção, pois além de ser de fácil mensuração possui altas correlações genéticas com altura (MARTINEZ et al., 2012 e CUMBIE et al., 2012) e volume (CUMBIE et al., 2012).

Estudos da interação genótipo x ambiente a partir de variáveis de crescimento em testes genéticos com *Pinus taeda* podem ser vistos em Paludzyszyn Filho et al. (2001) que testaram a significância dessa interação, Coutinho (2015) além da significância da interação estudou a correlação entre o desempenho das progênies nos diferentes locais e Martinez et al. (2012) que procederam também a ordenação das famílias via produtividade, adaptabilidade e estabilidade.

Outro ponto importante na formação de pomares de sementes é a avaliação da divergência genética entre progênies (FREITAS et al., 2013), pois possibilita a identificação dos melhores cruzamentos com vistas a aumentar a probabilidade de obtenção de alta capacidade específica de combinação ou direcionar a composição de sublinhas de melhoramento ou populações múltiplas (RESENDE, 2007b).

O trabalho teve como objetivo determinar a interação genótipo x ambiente para a característica DAP em progênies de *P. taeda* para formação de pomares clonais de sementes de gerações avançadas.

4.2. MATERIAL E MÉTODOS

4.2.1. Área experimental e material genético

A área experimental está localizada nos municípios de Rio Negrinho e Lages no estado de Santa Catarina, em região de planalto. O clima é classificado como Cfb segundo Köppen, subtropical úmido com verão ameno, sem estação seca (ALVARES et al., 2013). As regiões apresentam incidência de geada nos meses mais frios. Na TABELA 4.1 estão descritas as demais características e localização do experimento.

TABELA 4.1 - LOCALIZAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL DO TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda*

	LOCAL A	LOCAL B	LOCAL C	LOCAL D
Município	Rio Negrinho/SC	Rio Negrinho/SC	Rio Negrinho/SC	Lages/SC
Altitude (m) ^{*1}	852	830	886	895
Solo	Cambissolo Háplico	Cambissolo Háplico	Cambissolo Húmico	Cambissolo Húmico
Declividade ^{*1}	Suave Ondulado	Forte Ondulado	Ondulado	Suave Ondulado
Precipitação média (mm)	1876	1876	1876	1854
Temperatura mínima (°C)	13,2	13,2	13,2	11,6
Temperatura máxima (°C)	22,1	22,1	22,1	21,2
Temperatura média (°C)	18,3	18,3	18,3	16,1

Nota: ^{*1}: característica avaliada no local do teste

O material genético de *P. taeda* é oriundo de um Pomar clonal de sementes (PCS) de 1ª geração, com material da origem Flórida, Louisiana e Geórgia, EUA, e procedência Zimbabwe, e de uma Área produtora de sementes (APS) com material

de procedência do Zimbabwe. A inclusão do material genético da APS deveu-se a alta produtividade desse material e à baixa diversidade genética por excesso de homozigotos no PCS de 1ª geração, confirmada por Lima (2010) via marcadores microssatélites. Cerca de 75% das famílias que compõe o experimento são provenientes da APS. O teste de progênie de polinização aberta foi conduzido em quatro ambientes diferentes (Locais A, B, C e D) e a instalação ocorreu em delineamento de blocos casualizados, com sete repetições por local, parcelas lineares de seis plantas, espaçamento de 2,5 m x 2,0 m e com bordadura dupla. Aos nove anos de idade foi efetuada a mensuração direta da variável diâmetro à altura do peito (DAP, cm) utilizando suta em todos os locais de instalação do teste de progênie. Para fins de comparação nesse estudo foram avaliadas somente as 53 famílias comuns a todos os testes.

Para minimizar os efeitos de competição entre as árvores vizinhas e das falhas no experimento, utilizou-se modelos fenotípicos de competição via análise de covariância, empregando como covariável o índice de competição de Hegyi (IC), média da autocompetição (MAT), média da alocompetição (MAL) ou número de plantas vizinhas (NV), conforme descrito em Ishibashi et al. (2017). A eficiência da covariável foi testada via coeficientes de autocorrelação entre resíduos nos sentidos das linhas ou entre colunas (ρ_L), das colunas ou entre linhas (ρ_C) e pelo valor da estatística d para o teste de independência de resíduos de Durbin-Watson que foram obtidos com auxílio do modelo estatístico 113 do software SELEGEN – REML/BLUP® (RESENDE, 2007a).

4.2.2. Estimativa de parâmetros genéticos

As análises genéticas dos testes de progênie foram efetuadas com o uso do software SELEGEN – REML/BLUP®. Para a seleção de indivíduos e genitores em progênie de meios irmãos, no delineamento utilizado e por local foi utilizado o modelo estatístico 131 (equação 1), em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), ε é o vetor de erros ou resíduos

(aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável *Cov*. As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007a).

$$y = Xr + \beta Cov + Za + Wp + \varepsilon \quad [1]$$

Para a seleção nos quatro locais (análise conjunta) foi utilizado o modelo 4 (equação 2), com os dados fenotípicos ajustados, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios), e ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007a).

$$y = Xr + Za + Wp + Ti + \varepsilon \quad [2]$$

4.2.3. Ajuste dos valores fenotípicos

Com base no valor da covariável de cada indivíduo (x_{ij}), do valor médio da covariável (\bar{x}) e do coeficiente de regressão residual (β) entre a covariável e os dados de DAP; os valores fenotípicos para cada indivíduo sobrevivente foram ajustados conforme equação 3 para as covariáveis *IC*, *MAT* e *MAL* e equação 4 (RESENDE, 2002) para covariável *NV*, sendo Y_{ij} o valor fenotípico medido para cada indivíduo e Y_{ijc} o valor fenotípico ajustado para cada indivíduo.

$$Y_{ijc} = Y_{ij} - \beta (x_{ij} - \bar{x}) \quad [3]$$

$$Y_{ijc} = Y_{ij} - \beta (x_{ij} - 8) \quad [4]$$

4.2.4. Média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG)

Para seleção de famílias foi efetuada a avaliação de produtividade, adaptabilidade e da estabilidade por meio do programa SELEGEN – REML/BLUP®, modelo 51 (equação 5), com os dados fenotípicos ajustados, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. O vetor r contempla todas as repetições de todos os locais e o vetor p contempla todas as parcelas de todos os locais (RESENDE, 2007a).

$$y = Xr + Zg + Wp + Ti + \varepsilon \quad [5]$$

4.2.5. Análise de deviance

Para testar a significância dos efeitos aleatórios do modelo, realizou-se a análise de deviance (ANADEV) empregando-se o teste da razão da máxima verossimilhança (LTR), cuja significância foi avaliada pelo teste qui-quadrado com um grau de liberdade. O LTR substitui a ANOVA e o teste F da análise de variância nos casos de modelos com dados desbalanceados (RESENDE, 2007a).

4.2.6. Divergência genética

Os valores da distância estatística de Mahalanobis em nível genotípico e a realização dos agrupamentos pelo método de Tocher foram obtidos por meio do modelo estatístico 104 do software SELEGEN REML/BLUP® (RESENDE, 2007a). A distância generalizada de Mahalanobis considera as correlações entre as variáveis e é invariante aos efeitos de escala de medição dos caracteres. A técnica de agrupamento de Tocher adota o critério de que a média das medidas de distância

dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre grupos (RESENDE, 2007b).

4.2.7. Formação de pomares clonais de sementes

Para formação de pomares clonais de sementes (PCS), foram primeiramente selecionadas as famílias que pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) apresentem superioridade do genótipo acima da média do teste para variável DAP. Posteriormente, efetuou-se a seleção de indivíduos com os maiores valores genéticos individuais para variável DAP, sem nenhuma restrição, e após estabelecendo-se os seguintes critérios:

- PCS-5: no máximo cinco indivíduos da mesma família;
- PCS-4: no máximo quatro indivíduos da mesma família;
- PCS-3: no máximo três indivíduos da mesma família;
- PCS-2: no máximo dois indivíduos da mesma família.

Desta forma, cada PCS simulado contará com número total diferente de indivíduos.

4.2.8. Tamanho efetivo populacional (N_e)

Para cálculo do tamanho efetivo populacional foi utilizado a expressão para seleção em populações experimentais monóicas alógamas com variados números de indivíduos selecionados por família de meios irmãos (equação 6), onde N_f é o número de famílias selecionadas, K_f é o número médio de indivíduos selecionados por família e σ_{Kf}^2 é a variância do número de indivíduos selecionados por família (RESENDE, 2002).

$$N_e = (4 \times N_f \times K_f) / (K_f + 3 + (\sigma_{Kf}^2 / K_f)) \quad [6]$$

4.2.9. Ganho genético

O cálculo do ganho genético foi efetuado conforme o exposto na equação 7, onde a_s é a média do valor genético dos indivíduos selecionados e \bar{x} a média do teste.

$$G_{\%} = (\overline{a_s} / \bar{x}) \times 100 \quad [7]$$

4.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.3.1. População base

a) Ajuste dos valores fenotípicos

A variável DAP, nos locais A, C e D apresentaram coeficientes de autocorrelação entre resíduos negativos e significativos no sentido das linhas e das colunas. No local B somente no sentido das colunas. Desta forma os valores fenotípicos de DAP foram ajustados e utilizados para fins de seleção.

Para os locais A e D, utilizou-se a covariável índice de competição de Hegyi, pois essa minimizou os efeitos de competição e das falhas do experimento, resultando em coeficientes de autocorrelação entre resíduos positivos no sentido das linhas e não significativo no sentido das colunas após o ajuste dos valores fenotípicos. Para o local B foi utilizada a covariável número de plantas e para o local C a covariável média da autocompetição, que após o ajuste dos valores fenotípicos resultaram em coeficientes de autocorrelação não significativos.

b) Análise por local

Aos nove anos de idade o local A apresentou a maior média das árvores para diâmetro a altura do peito – DAP (19,96 cm). O local B apresentou menor média para DAP (18,04 cm) como pode ser visto na TABELA 4.3. As condições

climáticas dos locais avaliados são similares e as diferenças no crescimento das árvores podem ser atribuídas às diferentes declividades, conforme salientado por Gomes et al. (2016). Observou-se que os maiores valores de DAP foram obtidos em áreas com menor declividade, resultados semelhantes foram relatados por Braga et al. (1999). Estes autores ressaltaram que a declividade é um importante fator, pois áreas com baixa declividade apresentam maior potencial produtivo, pois essas áreas favorecem a menor exportação de água e nutrientes do sistema.

Quanto à qualidade experimental, os locais A e D apresentaram coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parc}) para DAP acima do recomendado (TABELA 4.3) por Sturion e Resende (2005) que consideram baixos c^2_{parc} menores que 0,10 para herdabilidades altas. Nesses locais a análise de deviance foi significativa para o efeito de parcelas a 1% de probabilidade (TABELA 4.4). Porém, o coeficiente de variação experimental foi de baixa magnitude, inferiores a 8%, em todos os locais para DAP (TABELA 4.3), indicando, conforme Martinez et al. (2012), uma boa precisão experimental.

Os locais A e D apresentaram baixa variância genética aditiva (σ^2_a) para variável DAP, o que resultou em baixos valores de coeficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{gi\%}$) (TABELA 4.3). O coeficiente de variação relativa (Cv_r) foi maior para os locais B e C (0,6 e 0,615) e menor para os locais A e D (0,391 e 0,303) (TABELA 4.3), ou seja, os maiores ganhos com a seleção serão obtidos quando a seleção for praticada para os locais B e C, pois o Cv_r permite avaliar o potencial do ensaio para a seleção. Valores próximos a uma unidade indicam uma situação altamente favorável para a seleção (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992).

A herdabilidade no sentido restrito (h^2_a) variou de 0,132 (local D) a 0,268 (local C) para a variável DAP (TABELA 4.3). A herdabilidade não é um parâmetro fixo podendo variar, inclusive para o mesmo material genético. Em *P. taeda*, no trabalho de Cumbie et al. (2012) encontrou valores de h^2_a de 0,13 para DAP em teste de progênies aos 6 anos de idade; para essa mesma idade no trabalho de Martinez et al. (2012) obteve estimativas de h^2_a variando de 0,18 a 0,43 para DAP em teste de progênies instalados em cinco locais e no estudo de Coutinho (2015) que, em testes instalados em três locais e avaliados aos oito anos de idade, obteve h^2_a para DAP de 0,09 a 0,25. Com exceção do local D, as herdabilidades médias de

progênes (h^2_{mp}) foram altas, variando de 0,517 a 0,726 e conduziram a altas acurácias seletivas (72% a 86%) na seleção de progênes (TABELA 4.3).

TABELA 4.2 - COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNES DE *P. taeda* AOS NOVE ANOS DE IDADE PLANTADO EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE INDIVIDUAL

Parâmetro/ Local	DAP			
	A	B	C	D
σ^2_a	0,812	2,715	3,201	0,377
σ^2_{parc}	0,674	0,147	0,315	0,747
σ^2_e	3,305	8,404	8,410	1,984
σ^2_f	4,791	11,266	11,926	3,107
h^2_a	0,169 \pm 0,05	0,240 \pm 0,07	0,268 \pm 0,07	0,121 \pm 0,05
h^2_{ajus}	0,197	0,244	0,276	0,160
c^2_{parc}	0,141	0,013	0,026	0,240
h^2_{mp}	0,517	0,716	0,726	0,335
Ac_{prog}	0,719	0,846	0,852	0,578
h^2_{ad}	0,156	0,195	0,222	0,125
$CV_{gi\%}$	4,514	9,132	9,295	3,168
$CV_{gp\%}$	2,257	4,566	4,647	1,584
$CV_{e\%}$	5,770	7,614	7,558	5,471
CV_r	0,391	0,600	0,615	0,290
PEV	0,098	0,193	0,219	0,063
SEP	0,313	0,439	0,468	0,250
u	19,961	18,043	19,249	19,383

Onde: σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual dentro da parcela (ambiental + genética não aditiva); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; h^2_{ajus} : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênie; Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênes; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; $CV_{gi\%}$: coeficiente de variação genética aditiva individual; $CV_{gp\%}$: coeficiente de variação genotípica entre progênes; $CV_{e\%}$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativo; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa; u = Média geral do experimento.

Somente no local D, não houve significância entre progênes pelo teste da razão de verossimilhança (LRT), o que influencia a obtenção de ganhos expressivos com a seleção (TABELA 4.4).

TABELA 4.3 - ANÁLISE DE DEVIANCE PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* AOS 9 ANOS DE IDADE EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE INDIVIDUAL.

Local	Efeito	Deviance	LTR	Componente Variância	Coefficiente de determinação
A	Parcela	5113,18	64,29*	0,674	0,141*
	Progenie	5061,80	12,91*	0,812	0,169*
	Modelo	5048,89	-	-	-
B	Parcela	7055,19	1,47 ^{ns}	0,210	0,019 ^{ns}
	Progenie	7068,44	14,72*	1,435	0,130*
	Modelo	7053,72	-	-	-
C	Parcela	6779,74	2,68 ^{ns}	3,201	0,026 ^{ns}
	Progenie	6818,66	41,60*	0,315	0,268*
	Modelo	6777,06	-	-	-
D	Parcela	3685,72	134,94*	0,373	0,240*
	Progenie	3554,40	3,62 ^{ns}	0,750	0,121 ^{ns}
	Modelo	3550,78	-	-	-

Onde: LTR: Teste da razão da verossimilhança; **, * e ^{ns}: significativo a 5%; 1% e não significativo pelo teste do qui-quadrado com 1 grau de liberdade, respectivamente.

c) Correlação genética entre locais

Para os dados de DAP, a correlação entre o desempenho das progênies nos quatro locais foi baixa (0,53) (TABELA 4.5), não possibilitando a formação de somente uma zona de melhoramento que atenda os quatro locais testados, pois os melhores indivíduos em ambiente podem não sê-los em outro (RESENDE, 2007b). Diferente dos resultados obtidos por Martinez et al. (2012) que avaliando teste de progênies de *P. taeda* em quatro locais encontrou alto valor de correlação (0,80) permitindo a condução do programa de melhoramento em somente um dos locais.

Deste modo, efetuou-se a análise conjunta dos locais em diferentes combinações, que indicou uma alta correlação genética no desempenho das progênies no agrupamento dos locais A e D (0,82) e dos locais B e C (0,74), sugerindo, assim, a formação de duas zonas de melhoramento (TABELA 4.5). Quando se têm valores de correlação maiores que 0,67, que é um valor alto de correlação genética, possibilita a formação de somente uma zona de melhoramento para os locais testados (RESENDE, 2007b), pois há uma fraca influência da interação genótipo x ambiente.

TABELA 4.4 - CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE LOCAIS ESTIMADA PARA VARIÁVEL DAP POR MEIO DE ANÁLISE CONJUNTA EM UM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

Locais	Correlação
A e D	0,82
B e C	0,74
A, B e C	0,61
A, B, C e D	0,53
B, C e D	0,53
A e B	0,51
A e C	0,50
A, C e D	0,48
C e D	0,33
B e D	0,24

Ainda que o teste da razão de verossimilhança tenha sido significativo para interação nos locais B e D a 5% de probabilidade (TABELA 4.6), como foi alta correlação genética das progênies nos dois ambientes, trata-se de uma interação simples, possibilitando a formação de somente uma zona de melhoramento para esses locais (RESENDE, 2007b), tal como em Paludzyszyn Filho et al. (2001) que mesmo com interações significativas, a perda do potencial genético de progênies na seleção ao se ignorar o efeito dessa interação foi mínima.

A análise conjunta compreendendo as duas zonas de melhoramento, apresentou baixa variância genética aditiva, baixos valores de h^2_a , altos valores de herdabilidade média de progênies (h^2_{mp}) e altas acurácias seletivas (Ac_{prog}) (TABELA 4.6). O c^2_{parc} foi de baixa magnitude para a análise conjunta compreendendo os locais B e C e valores mais altos e significativos a 1% de probabilidade pelo teste da razão de verossimilhança foram estimados para a análise conjunta para os locais A e D (TABELA 4.6 e TABELA 4.7).

TABELA 4.5 - COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES AOS NOVE ANOS DE IDADE DE *P. taeda* PLANTADO EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE CONJUNTA.

	A e D	B e C
σ^2_a	0,521	2,176
σ^2_{parc}	0,697	0,277
σ^2_{int}	0,029	0,188
σ^2_e	2,742	8,999
σ^2_f	3,989	11,640
h^2_a	0,131 \pm 0,03	0,187 \pm 0,04
c^2_{parc}	0,175	0,024
c^2_{int}	0,007	0,016
h^2_{mp}	0,545	0,692
Ac_{prog}	0,738	0,832
h^2_{ad}	0,125	0,154
rg_{loc}	0,817	0,743
PEV	0,059	0,168
SEP	0,243	0,409
u	19,702	18,644

Onde: σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_{int} : variância da interação genótipo x ambiente; σ^2_e : variância residual dentro da parcela (ambiental + genética não aditiva); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c^2_{int} : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênie; Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; rg_{loc} : correlação genética entre locais; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa; u = Média geral do experimento.

TABELA 4.6 - ANÁLISE DE DEVIANCE PARA DAP EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* AOS 9 ANOS DE IDADE EM QUATRO LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE CONJUNTA.

Local	Efeito	Deviance	LTR	Componente Variância	Coeficiente de determinação
A e D	Parcela	8881,91	173,54*	0,697	0,175*
	Progênie	8715,50	7,13*	0,521	0,131*
	Interação	8708,89	0,52 ^{ns}	0,030	0,007 ^{ns}
	Modelo	8708,37	-	-	-
B e C	Parcela	13827,06	2,81 ^{ns}	0,277	0,016 ^{ns}
	Progênie	13841,30	17,05*	2,176	0,187*
	Interação	13830,26	6,01**	0,181	0,016**
	Modelo	13824,25	-	-	-

Onde: LTR: Teste da razão da verossimilhança; **, * e ^{ns}: significativo a 5%; 1% e não significativo pelo teste do qui-quadrado com 1 grau de liberdade, respectivamente.

Como os locais testados estão em condições climáticas e de solo similares, a suposição é que a formação das duas zonas de melhoramento tenha sido influenciada pela declividade apresentada em cada local de instalação do teste de progênies. Indicando que genótipos mais produtivos em relevo mais plano não o são para as condições de declividade, pois relevo e profundidade efetiva estão entre os atributos limitantes ao desenvolvimento da espécie, conforme trabalho de Gomes et al. (2016). Esse resultado tem grandes implicações para a silvicultura da espécie, pois na região Sul, grande parte da silvicultura é realizada em áreas declivosas.

4.3.2. Formação de pomares clonais de sementes

Pelo método da MHPRVG foram selecionadas 26 famílias para formação dos PCS (TABELA 4.8) e a seleção individual efetuada segundo os maiores valores genéticos para DAP. Com isso, o PCS formado quando não se restringe o número de indivíduos selecionados por família, o PCS com no máximo cinco indivíduos por família (PCS-5) e o PCS com no máximo quatro indivíduos por família (PCS-4) totalizaram 100 indivíduos para compor a população selecionada. O PCS com no máximo três indivíduos por família (PCS-3) totalizaram 78 indivíduos e o PCS com no máximo dois indivíduos por família (PCS-2) 52 indivíduos.

As famílias selecionadas pelo método MHPRVG coincidiram com o ordenamento das famílias pelos critérios de adaptabilidade (PRVG), de estabilidade (MHVG) e pelos efeitos genéticos médios entre os ambientes. Resultados semelhantes foram obtidos por Verardi et al. (2009) e, de acordo com os autores, predições seguras sobre valores genéticos podem ser feitas com um único critério de seleção contemplando produtividade, estabilidade e adaptabilidade. O método da MHPRVG seleciona os materiais genéticos mais produtivos, com penalização de materiais genéticos instáveis e capitalização da adaptabilidade dos materiais mais estáveis (ROSADO et al., 2012), sendo juntamente com o método MHVG opções mais seguras de seleção, sendo esse último um pouco mais conservador (RESENDE, 2007b).

TABELA 4.7 - ORDENAMENTO DAS MELHORES FAMÍLIAS PARA PRODUTIVIDADE, ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE PELO MÉTODO (MHPRVG) PARA A VARIÁVEL DAP EM *P. taeda* PARA DUAS ZONAS DE MELHORAMENTO, COMPREENDENDO AS REGIÕES DOS LOCAIS A e D E DOS LOCAIS B E C NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

A e D		B e C	
Ordem	Família	Ordem	Família
1	51	1	42
2	46	2	33
3	19	3	35
4	34	4	27
5	27	5	43
6	42	6	61
7	29	7	29
8	43	8	45
9	47	9	52
10	22	10	44
11	18	11	50
12	12	12	31
13	35	13	39
14	57	14	26
15	50	15	40
16	20	16	18
17	31	17	46
18	53	18	19
19	15	19	55
20	40	20	23
21	33	21	57
22	25	22	36
23	7	23	20
24	24	24	13
25	21	25	22
26	36	26	53

Onde: MHPRVG: média harmônica da performance relativa dos valores genéticos.

Os maiores ganhos são obtidos quando não se restringe o número de indivíduos selecionados por família, porém esse tipo de seleção resulta em um menor tamanho efetivo populacional (N_e), pois são selecionados vários indivíduos da mesma família. Sendo inferior, inclusive, aos pomares com menor número total de indivíduos, mas com restrição do número máximo de indivíduos por família

(TABELA 4.9). Isso ocorre porque o tamanho efetivo populacional se refere ao tamanho genético de uma população e não ao número de indivíduos que a compõe (RESENDE, 2015). Tamanhos efetivos populacionais pequenos implicam em redução da diversidade genética e aumento da endogamia na próxima geração. Segundo Pires et al. (2011), um N_e de 50 é suficiente minimizar os efeitos da depressão por endogamia.

A maximização dos ganhos genéticos é obtida utilizando-se a seleção por local. Fato que pode ser observado na seleção para os locais A, B e C, comparados com a seleção pela análise conjunta para A e D e para B e C (TABELA 4.9). O mesmo ocorreu com a seleção pelo método da média harmônica dos valores genéticos preditos para DAP no trabalho de Martinez et al. (2012) e com a seleção pela análise conjunta pelos valores genéticos aditivos para volume em Paludzyszyn Filho et al. (2001). O local D não acompanhou essa tendência, pois não houve diferenças significativas entre progênies nesse local, mas na análise conjunta com o local A houve diferença significativa a 1% de probabilidade (TABELA 4.4).

No entanto, como a redução dos ganhos não foi expressiva, prefere-se a formação de duas zonas de melhoramento com a implantação de um PCS para atender as condições que abrangem o teste instalado no local A e D e outro para os locais B e C (TABELA 4.9), pois a formação de um menor número de pomares clonais de sementes é benéfica ao programa de melhoramento genético pela redução dos custos de operação envolvidos na produção de sementes.

Assim, a melhor estratégia para composição da população selecionada é o estabelecimento de um PCS-4, sendo estabelecido um pomar para a zona de melhoramento A e D, com um ganho genético de 3,3%, N_e de 57,6 e uma nova média de 20,36 cm e um pomar para a zona de melhoramento B e C com um ganho genético de 8,0%, N_e de 58 e uma nova média de 20,12 cm (TABELA 4.9).

TABELA 4.8 - GANHO GENÉTICO, TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL E NÚMERO DE FAMÍLIAS COM A SELEÇÃO INDIVIDUAL PARA A VARIÁVEL DAP EM *P. taeda* PARA DUAS ZONAS DE MELHORAMENTO, COMPREENDENDO AS REGIÕES DOS LOCAIS A E D E DOS LOCAIS B E C, E POR LOCAL NO ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES.

	SEM RESTRIÇÃO			PCS-5			PCS-4			PCS-3			PCS-2		
Local	G%	Ne	Fam	G%	Ne	Fam	G%	Ne	Fam	G%	Ne	Fam	G%	Ne	Fam
A	4,6	23,5	19	4,1	56,1	31	3,9	62,3	35	4,0	55,5	33	4,2	42,5	29
D	2,9	27,3	23	2,7	55,6	31	2,6	62,9	36	2,7	55,2	34	2,9	43,2	31
A e D	3,8	24,5	18	3,5	53,7	26	3,3	57,6	26	3,4	52,0	26	3,6	41,6	26
B	10,7	26,9	19	9,6	55,0	30	9,2	60,5	32	9,4	54,0	31	9,8	42,9	30
C	11,4	26,1	18	10,3	55,6	32	9,8	61,0	33	10,1	54,5	32	10,7	42,9	30
B e C	10,2	18,1	14	8,4	52,9	25	8,0	58,0	26	8,1	52,0	26	8,4	41,6	26

Onde: G%: ganho genético em porcentagem; Ne: tamanho efetivo populacional; Fam: número de famílias selecionadas; PCS-5: pomar clonal de sementes com no máximo cinco indivíduos da mesma família; PCS-4: pomar clonal de sementes no máximo quatro indivíduos da mesma família; PCS-3: pomar clonal de sementes no máximo três indivíduos da mesma família; PCS-2: pomar clonal de sementes no máximo dois indivíduos da mesma família.

4.3.3. Tamanho e estrutura da população selecionada

O tamanho da população selecionada será de 200 indivíduos estruturados em duas populações, sendo estabelecido um PCS-4 com 100 indivíduos para a zona de melhoramento A e D, e um pomar para a zona de melhoramento B e C.

A população selecionada, da zona de melhoramento A e D, foi distribuída em treze grupos distintos de famílias pela análise de divergência genética e agrupamento pelo método de Tocher com base nas distâncias de Mahalanobis obtidas a partir de análise multivariada envolvendo as variáveis DAP para ambos os locais e H para o local A (TABELA 4.10).

O grupo I engloba 26% das famílias presentes no teste de progênes avaliado e 42% das famílias selecionadas para compor o PCS (TABELA 4.10). A distância genética média encontrada foi de 3,92, a maior distância genética ocorreu entre as famílias 9 e 55 (23,912) e a menor entre as famílias 1 e 45 (0,001). Dentre as matrizes selecionadas para o PCS, a maior distância genética ocorreu entre as famílias 54 e 51 (9,656). A família com maior valor genético para DAP pertence ao grupo XIII e os grupos XII e VII possuem as famílias com os menores valores genéticos para DAP.

TABELA 4.9 - AGRUPAMENTO (TOCHER) PELAS DISTÂNCIAS DE MAHALANOBIS EM *P. taeda* ENVOLVENDO AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA TOTAL PELA ANÁLISE CONJUNTA DE UM TESTE DE PROGÊNIES AVALIADO NOS LOCAIS A E D NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

Grupos	Famílias													
I	1	7	12	15	21	24	25	31	40	45	50	52	53	57
II	2	3	5	6	23	44	54	56	63					
III	4	8	13	16	32	36	39							
IV	27	34	42	46	47									
V	18	20	29	35										
VI	22	33	43											
VII	10	11												
VIII	9	41												
IX	14	26												
X	55	61												
XI	19													
XII	48													
XIII	51													

Para a população selecionada da zona de melhoramentos B e C, as famílias foram agrupadas em cinco grupos distintos pelo método de Tocher com base nas distâncias de Mahalanobis obtidas a partir de análise multivariada envolvendo as variáveis DAP e H. O grupo I engloba 47% das famílias presentes no teste de progênies avaliado e 72% das famílias selecionadas para compor o PCS estão presentes no grupo II (TABELA 4.11). A distância genética média encontrada foi de 3,92, a maior distância genética ocorreu entre as famílias 8 e 44 (31,199) e a menor entre as famílias 3 e 14 (0,004). Dentre as matrizes selecionadas para o PCS a maior distância genética ocorreu entre as famílias 44 e 46 (26,882) e a menor entre as famílias 27 e 35 (0,009).

Os valores de distância média e mínima são menores do que as obtidas no estudo de FREITAS et al. (2012), ou seja, há uma menor variabilidade genética na população estudada que as avaliadas pelos autores que utilizaram material genético de procedência Misiones (Argentina) e origem Marion County - Florida (EUA).

TABELA 4.10 - AGRUPAMENTO (TOCHER) PELAS DISTÂNCIAS DE MAHALANOBIS EM *P. taeda* ENVOLVENDO AS VARIÁVEIS DAP E ALTURA TOTAL PELA ANÁLISE CONJUNTA DE UM TESTE DE PROGÊNIES AVALIADO NOS LOCAIS B E C NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

ESTADOS DE SANTA CATARINA.																		
Grupos	Famílias																	
I	1	2	3	4	5	7	9	10	11	12	13	14	15	16	20	21	22	
	32	34	41	47	48	51	54	57										
II	19	23	27	29	31	33	35	36	39	40	42	43	45	50	52	53	61	18
III	6	8	24	46	55	56	63											
IV	25	26																
V	44																	

4.3.4. Recombinação dos indivíduos

Visando a obtenção de indivíduos mais produtivos e possibilitando maiores ganhos genéticos, recomendam-se cruzamentos controlados no PCS-4 formado para os locais B e C entre as progênies da família 44 (grupo V) e as progênies das famílias que estão presentes no grupo II. Uma vez que o grupo II contém as nove famílias com maiores valores genéticos para DAP (27, 29, 33, 35, 42, 43, 45, 52 e 61) (TABELA 4.11).

Para o PCS-4 formado para os locais A e D, recomendam-se o cruzamento das progênies das famílias 19 e 51 com as progênies das famílias que estão presentes no grupo IV, que estão entre as famílias com maiores valores genéticos preditos para DAP (TABELA 4.10).

Cruzamentos entre indivíduos selecionados pertencentes a excelentes famílias de diferentes grupos deve ser enfatizado visando aumentar a probabilidade de obtenção de heterose (RESENDE, 2007b). Quanto mais divergentes forem os genitores, maior a possibilidade de ocorrer à variabilidade na população segregante e maior possibilidade de reorganização dos alelos com novas combinações favoráveis (MANFIO et al., 2012).

4.4. CONCLUSÕES

Há interação genótipo x ambiente para a variável DAP no material avaliado aos nove anos de idade, sendo identificadas duas zonas de melhoramento distintas, com base na correlação genética do desempenho das progênes nos locais;

A maximização da variabilidade e ganhos genéticos pode ser obtida com a formação de PCS com 100 indivíduos com restrição de no máximo quatro indivíduos por família.

REFERÊNCIAS

- ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; de MORAES, G.; LEONARDO, J.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.
- BARROS, H. D.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. de C.; CRUZ, C. D. Análises paramétricas e não-paramétricas para determinação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja. **Scientia Agraria**, v. 9, n. 3, p. 299-309, 2008.
- BRAGA, F. D. A.; BARROS, N.; SOUZA, A. L. D.; COSTA, L. M. D. Características ambientais determinantes da capacidade produtiva de sítios cultivados com eucalipto. **Revista brasileira de ciência do solo**, v. 23, n. 2, p. 291-298, 1999.
- COUTINHO, R. T. **Viabilidade da seleção precoce e efeito da interação genótipo-ambiente no melhoramento de *Pinus taeda* L.** Dissertação (mestrado). Universidade Federal do Paraná, 2015.
- CUMBIE, W. P.; ISIK, F. and MCKEAND, S. E. Genetic improvement of sawtimber potential in loblolly pine. **Forest Science**, v. 58, n. 2, p. 168-177, 2012.
- FREITAS, T. C. M.; DA COSTA, R. M. L.; BIERNASKI, F. A.; ESTOPA, R. A.; DE MORAES, C. B.; MORI, E. S. **Divergência genética entre progênes de *Pinus taeda* por meio de caracteres quantitativos.** 7º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas. Uberlândia: 2013.
- GOMES, J. B. V.; BOGNOLA, I. A.; STOLLE, L.; dos SANTOS, P. E. T.; MAEDA, S.; da SILVA, L. T. D. M.; BELLOTE, A. F. J.; de CASTRO ANDRADE, G. Unidades de manejo para pinus: desenvolvimento e aplicação de metodologia em áreas de produção no oeste catarinense. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 109, p. 191-204, 2016.
- INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES (IBÁ). **Relatório IBÁ 2017 ano base 2016.** Brasília: IBÁ, 2017. 80 p.

ISHIBASHI, V.; MARTINEZ, D. T.; HIGA, A. R. Phenotypic models of competition for *Pinus taeda* L genetic parameters estimation. **Cerne**, v. 23, n. 3, p. 349-358, 2017.

LIMA, M. de L. A. **Estrutura genética de uma população base de segunda geração de *Pinus taeda* L. com o uso de marcadores moleculares microssatélites**. Tese (Pós-doutorado). Universidade Federal do Paraná, 2010.

MANFIO, C. E.; MOTOIKE, S. Y.; RESENDE, M. D. V.; dos SANTOS, C. E. M.; E SATO, A. Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 69, p. 63-68, 2012.

MARTINEZ, D.T.; RESENDE, M. D. V.; COSTA, R. B. da; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A. dos; FIER, I. S. N. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. **Floresta**, v. 42, n. 3, p. 539 - 552, 2012.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; MORA, A. L.; MAESTRI, R. Interação de Genótipos de *Pinus taeda* L. com locais no Sul-Sudeste do Brasil. **Revista Cerne**. vol.7, n.1, p.90-100, 2001.

PIRES, I. E.; RESENDE, M.D. V; SILVA, R. L. da; RESENDE JUNIOR, M. F. R. **Genética Florestal**. Viçosa, MG: Arka, 2011. 318 p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa. Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. **Selegen-Reml/Blup: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 361 p.

RESENDE, M.D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 362p.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Viçosa, 2015.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; BHERING L. L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.47, n.7, p.964-971, 2012.

SEBBENN, A. M.; VILAS BÔAS, O.; MAX, J. C. M. Altas herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de polinização aberta de *Pinus elliottii* Engelm var. *elliottii*, aos 25 anos de idade em Assis-SP. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20. n. 2, p. 95-102, 2008.

STURION, J. A. e RESENDE, M. D. V. Eficiência do delineamento experimental e capacidade de teste no melhoramento genético da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil). **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 50, p. 3-10, 2005.

VENCOVSKY, R. e BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 1992, 496 p.

VERARDI, C. K.; RESENDE, M. D. V. de; COSTA, R. B. da; GONÇALVES, P. S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.44, n.10, p.1277-1282, 2009.

CAPÍTULO III

SELEÇÃO GENÉTICA PARA CRESCIMENTO E QUALIDADE DE FUSTE EM *Pinus taeda* L. PARA FORMAÇÃO DE POMARES CLONAIIS DE SEMENTES

5. SELEÇÃO GENÉTICA PARA CRESCIMENTO E QUALIDADE DE FUSTE EM *Pinus taeda* L. PARA FORMAÇÃO DE POMARES CLONAIS DE SEMENTES

RESUMO

A seleção genética é a principal ferramenta usada na formação de pomares de sementes de gerações avançadas. Esse trabalho teve como objetivo determinar um método eficiente de seleção genética, simultânea para crescimento e qualidade de fuste, para formação de pomares clonais de sementes. Para isso, avaliou-se um teste de progênies de *P. taeda* plantado em dois diferentes locais no estado de Santa Catarina. O teste foi plantado com 53 famílias comuns, em delineamento de blocos casualizados, com sete repetições, parcelas lineares de seis plantas e espaçamento de 2,5 m x 2,0 m. As variáveis diâmetro à altura do peito, retidão e conicidade de fuste foram avaliadas em todos os indivíduos aos nove anos de idade. Os componentes de variância e parâmetros genéticos foram estimados utilizando o software Selegen REML/BLUP®. Para seleção simultânea das características foram empregados os métodos: seleção direta, níveis independentes, índice de seleção de Smith e Hazel, índice multiplicativo e índice de soma dos postos. O método da seleção direta foi eficiente somente para obtenção de ganhos genéticos diretos na variável alvo da seleção, porém resultou em ganhos genéticos insatisfatórios para as demais variáveis. A seleção via níveis independentes proporcionou o menor ganho genético total. Os índices de seleção utilizados (Smith Hazel, multiplicativo e soma dos postos) não diferiram consideravelmente nos ganhos genéticos totais e apresentaram coeficiente de coincidência de Cohen (k) próximos de 0,60. O estabelecimento de um pomar clonal de sementes utilizando o índice de seleção de Smith e Hazel com igual ênfase para as características DAP, retidão de fuste e conicidade, com restrição de no máximo quatro indivíduos por família, é a estratégia com melhor eficiência na distribuição de ganhos e maior tamanho efetivo populacional.

Palavras chave: retidão, conicidade, índice de seleção, níveis independentes

ABSTRACT

Genetic selection is the main tool used in advanced generation seed orchards establishment. The objective of this work was to determine an efficient method of genetic selection, simultaneously for growth and stem quality, for the formation of clonal seed orchards. For this, a progeny trial of *P. taeda* planted at two different locations in the state of Santa Catarina was evaluated. The trial was planted with 53 common families, in a randomized block design, with seven replicates, linear plots of six plants and spacing of 2.5 m x 2.0 m. The variables diameter at breast height, straightness, and conicity were evaluated in all individuals at the age of nine. The variance components and genetic parameters were estimated using the Selegen REML / BLUP® software. For the simultaneous selection of both characteristics, the following methods were used: direct selection, independent levels, Smith and Hazel selection index, multiplicative index and rank summation index. The direct selection method was efficient only to obtain direct genetic gains in the target variable of the selection, but resulted in unsatisfactory genetic gains for the other variables. Selection via independent levels provided the lowest total genetic gain. The selection indexes used (Smith Hazel, multiplicative and rank summation) did not differ considerably from each other in the total genetic gains and presented a Cohen coincidence coefficient (k) close to 0.60. The establishment of a clonal seed orchard using the Smith and Hazel selection index with the same emphasis for DBH characteristics, stem straightness and conicity, with the restriction of four individuals per family at most is the strategy with the best efficiency in the distribution of gains and greater effective population size.

Key words: straightness, conicity, selection index, independent levels

5.1. INTRODUÇÃO

Plantios com as espécies do gênero *Pinus* ocupam 1,6 milhão de hectares e se concentram no Paraná (42%) e em Santa Catarina (34%) (IBÁ, 2017). A principal espécie plantada é o *Pinus taeda*, que teve um aumento substancial em produtividade resultante, principalmente, de programas de melhoramento genético conduzido desde a década de 1960 por empresas florestais, instituições públicas federais e estaduais e universidades (AGUIAR et al., 2011).

Apesar do *P. taeda* se destacar pelo seu bom crescimento e qualidade da madeira para produção de celulose de fibra longa pelo processo Kraft, produção de madeira serrada, laminados, chapas e compensados (MARTINEZ et al., 2012) observa-se, na última década, um decréscimo na área plantada com a espécie. Esse fato é decorrente de sua substituição por espécies do gênero *Eucalyptus*, em função da menor rotação e expansão das indústrias de celulose de fibra curta. Além disso, os investimentos em melhoramento genético do *P. taeda* têm focado, principalmente, a maior produtividade volumétrica da biomassa usada para fabricação de papel e painéis.

Para atender o nicho de mercado para madeira sólida, as estratégias de melhoramento para *P. taeda* devem visar produtividade e qualidade da madeira. Dentre as características relacionadas à produtividade, o DAP é a variável mais utilizada para fins de seleção, pois além de ser de fácil mensuração possui altas correlações genéticas com altura (MARTINEZ et al., 2012 e CUMBIE et al., 2012) e volume (CUMBIE et al., 2012). Quanto à qualidade da madeira, características de fuste como a retidão e a conicidade são de grande importância para indústria de processamento da madeira, pois a competitividade do setor é afetada pelo baixo rendimento na conversão da madeira (MURARA JUNIOR et al., 2013). Árvores com fuste mais reto e menos cônico são mais adequadas para processamento em serrarias e laminação, pois resultam em maior rendimento de conversão (MORAES et al., 2007; NOGUEIRA et al., 2008).

A seleção baseada em uma ou poucas características pode se mostrar inadequada em programas de melhoramento genético por não resultar em um produto final superior que atenda a vários segmentos o mercado (MARTINS et al.,

2006) assim, quando o objetivo de seleção envolve mais de uma característica que não sejam correlacionadas sob o ponto de vista genético, métodos de seleção como níveis independentes e índices de seleção podem ser adotados visando ganhos genéticos em vários caracteres (PIRES et al., 2011). O uso dos índices de seleção apresenta algumas dificuldades e limitações, mas são vantajosos por proporcionarem maiores ganhos totais, com melhor distribuição de ganhos entre os caracteres (MARTINS et al., 2006).

Esse trabalho teve como objetivo determinar a melhor estratégia de seleção simultânea para crescimento e qualidade de fuste em teste de progênies de *P. taeda*, visando à formação de pomares clonais de sementes de gerações avançadas.

5.2. MATERIAL E MÉTODOS

5.2.1. Área experimental e material genético

A área experimental está localizada nos municípios de Rio Negrinho e Lages no estado de Santa Catarina, em região de planalto. O clima é classificado como Cfb segundo Köppen, subtropical úmido com verão ameno, sem estação seca (ALVARES et al., 2013). As regiões apresentam incidência de geada nos meses mais frios. Na TABELA 3.1 estão descritas as demais características e localização do experimento.

TABELA 5.1 - LOCALIZAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL DO TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda*.

	LOCAL A	LOCAL D
Município	Rio Negrinho/SC	Lages/SC
Altitude (m) *1	852	895
Solo	Cambissolo Háplico	Cambissolo Húmico
Declividade *1	Suave Ondulado	Suave Ondulado
Precipitação média (mm)	1876	1854
Temperatura mínima (°C)	13,2	11,6
Temperatura máxima (°C)	22,1	21,2
Temperatura média (°C)	18,3	16,1

Nota: *1: característica avaliada no local do teste

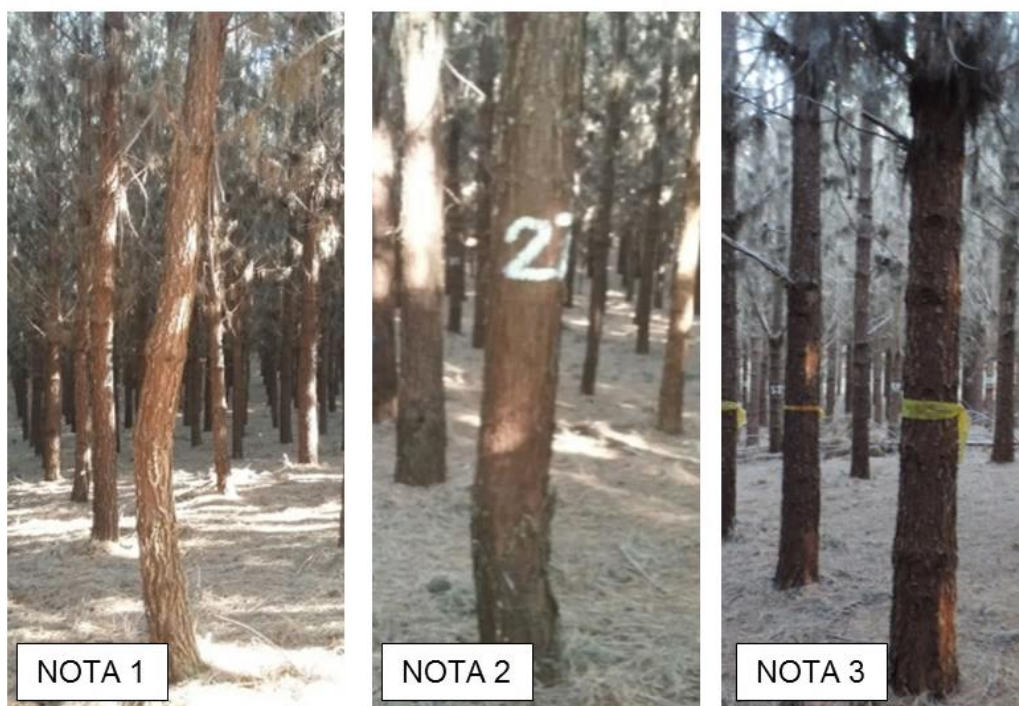
As progênies são oriundas de um pomar clonal de sementes (PCS) de 1ª geração, com material da origem Flórida, Louisiana e Geórgia, EUA, e de árvores

selecionadas em uma área de produção de sementes (APS) com material de procedência do Zimbabwe. A inclusão do material genético da APS Zimbabwe visou aumentar a base genética do material da PCS, conforme previamente determinada por Lima (2010).

O teste de progênies de polinização aberta foi conduzido em dois ambientes diferentes (Locais A e D) e a instalação ocorreu em delineamento de blocos casualizados, com sete repetições por local, parcelas lineares de seis plantas, espaçamento de 2,5 m x 2,0 m com bordadura dupla e 53 famílias comuns.

As avaliações foram realizadas quando as árvores tinham nove anos de idade. A variável DAP (diâmetro à altura do peito) foi avaliada em cm usando suta. Foi atribuída notas para a característica qualitativa de retidão de fuste, sendo: 3 – fuste reto; 2 – moderadamente tortuoso; 1 – fortemente tortuoso (FIGURA 5.1).

FIGURA 5.1 – NOTAS UTILIZADAS NA AVALIAÇÃO QUALITATIVAS PARA RETIDÃO DE FUSTE



A conicidade da primeira tora (2,30 m de comprimento) do fuste (FC) foi avaliada dividindo o diâmetro mensurado a 10 cm de altura (D_{base}) pelo diâmetro mensurado a 2,3 m de altura ($D_{2,30}$) conforme a equação 1.

$$FC = D_{2,30} / D_{base}$$

[1]

As correlações genéticas entre as variáveis foram obtidas via modelo 102 do software SELEGEN – REML/BLUP®.

Para minimizar os efeitos de competição entre as árvores vizinhas e das falhas no experimento, utilizou-se modelos fenotípicos de competição via análise de covariância, empregando como covariável o índice de competição de Hegyi (IC), conforme descrito em Ishibashi et al. (2017). A eficiência da covariável foi testada via coeficientes de autocorrelação entre resíduos nos sentidos das linhas ou entre colunas (ρ_L), das colunas ou entre linhas (ρ_C) e pelo valor da estatística d para o teste de independência de resíduos de Durbin-Watson que foram obtidos com auxílio do modelo estatístico 113 do software SELEGEN – REML/BLUP® (RESENDE, 2007a).

5.2.2. Estimativa de parâmetros genéticos

As análises genéticas dos testes de progênes foram efetuadas com o uso do software SELEGEN – REML/BLUP®. Para a seleção de indivíduos e genitores em progênes de meios irmãos, no delineamento utilizado e por local foi utilizado o modelo estatístico 131 (equação 2), em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). O coeficiente β refere-se à regressão associada à covariável *Cov*. As letras romanas maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007a).

$$y = Xr + \beta Cov + Za + Wp + \varepsilon \quad [2]$$

Para a seleção nos dois locais (análise conjunta) foi utilizado o modelo 4 (equação 3), com os dados fenotípicos ajustados, em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), p é o

vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios), i é vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios), e ε é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (RESENDE, 2007a).

$$y = Xr + Za + Wp + Ti + \varepsilon \quad [3]$$

5.2.3. Ajuste dos valores fenotípicos

Com base no valor da covariável de cada indivíduo (x_{ij}), do valor médio da covariável (\bar{x}) e do coeficiente de regressão residual (β) entre a covariável e os dados; os valores fenotípicos para cada indivíduo sobrevivente foram ajustados conforme equação 4 para a covariável IC , sendo Y_{ij} o valor fenotípico medido para cada indivíduo e Y_{ijc} o valor fenotípico ajustado para cada indivíduo.

$$Y_{ijc} = Y_{ij} - \beta (x_{ij} - \bar{x}) \quad [4]$$

5.2.4. Análise de deviance

Para testar a significância dos efeitos aleatórios do modelo, realizou-se a análise de deviance (ANADEV) empregando-se o teste da razão da máxima verossimilhança (LTR), cuja significância foi avaliada pelo teste qui-quadrado com um grau de liberdade (RESENDE, 2007a).

5.2.5. Seleção simultânea de várias características

Além da seleção direta e indireta, foram empregados quatro métodos de seleção simultânea para as variáveis DAP, retidão (RET) e fator de conicidade (FC).

a) Índice clássico de Smith e Hazel

O índice clássico de Smith e Hazel considera as covariâncias genéticas e fenotípicas entre os n caracteres e também um peso econômico para cada caráter. O índice é dado por meio do somatório de n variáveis, ponderadas por seus respectivos coeficientes b (equação 5), em que I é o índice calculado para cada progênie da população-base; b é o coeficiente de ponderação do índice e y o valor fenotípico do caráter (PIRES et al. 2011).

$$I = \sum_{i=1}^n b_i \times y_i \quad [5]$$

Para estimação do índice de seleção de cada progênie, é necessária a estimação do vetor b , o qual é obtido de forma que a correlação entre I e H seja maximizada, em que b coeficiente de ponderação do índice; G é a matriz de variâncias e covariâncias genéticas entre os caracteres e P^{-1} é a inversa da matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas entre os caracteres (equação 6) (CRUZ et al., 2014).

$$b = P^{-1} \times G \times w \quad [6]$$

O peso econômico (w) adotado foi o método de igual ênfase, calculado com o inverso do desvio padrão fenotípico de cada caráter.

b) Índice multiplicativo (IM)

Os valores genéticos de cada variável foram multiplicados para formação do índice de seleção multiplicativo (IM).

c) Índice com base em soma de postos (MM)

O índice proposto por Mulamba e Mock (1978) classifica os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento, e somadas às ordens de cada material, referente a cada caractere, resultando no índice de seleção (CRUZ et al., 2014). Os indivíduos foram classificados pelo seu valor genético individual.

d) Níveis independentes

No método de níveis independentes de eliminação, foram selecionados 20% dos indivíduos sobreviventes com maiores valores genéticos individuais para DAP, destes foram selecionados 50% dos indivíduos com os melhores valores genéticos para fator de conicidade e por fim os melhores valores genéticos para retidão de fuste.

5.2.6. Formação de pomares clonais de sementes

Foram selecionados os indivíduos com os maiores valores genéticos individuais ou maior índice de seleção, estabelecendo-se a seleção com no máximo quatro indivíduos da mesma família (PCS-4).

5.2.7. Tamanho efetivo populacional (N_e)

Para cálculo do tamanho efetivo populacional foi utilizada a expressão para seleção em populações experimentais monóicas alógamas com variados números de indivíduos selecionados por família de meios irmãos (equação 7), onde N_f é o número de famílias selecionadas, K_f é o número médio de indivíduos selecionados por família e σ_{Kf}^2 é a variância do número de indivíduos selecionados por família (RESENDE, 2002).

$$N_e = (4 \times N_f \times K_f) / (K_f + 3 + (\sigma_{Kf}^2 / K_f)) \quad [7]$$

5.2.8. Ganho genético

O cálculo do ganho genético foi efetuado conforme o exposto nas equações 8 e 9, onde a_s é a média do valor genético dos indivíduos selecionados; n o número de indivíduos selecionados e \bar{x} a média do teste.

$$G = (a_s) / n \quad [8]$$

$$G_{\%} = (G) / \bar{x} \times 100 \quad [9]$$

5.2.9. Coeficiente de coincidência de Cohen (K)

Para verificar a concordância entre os indivíduos selecionados em cada método de seleção foi utilizado o Coeficiente de coincidência de Cohen (K), calculado conforme equação 10, em que N_o é o número de concordâncias observadas, N_a é o número de concordâncias esperadas ao acaso e N_p o número de pares de dados (RESENDE, 2015). Para N_a foi considerado a intensidade de seleção.

$$k = [N_o - N_a] / [N_p - N_a] \quad [10]$$

5.3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.3.1. População base

Conforme detalhado, a população base é constituída de 4452 árvores (53 famílias x 7 blocos x 6 plantas/parcela x 2 locais) que compõem o teste de progênies. Metade das famílias foi selecionada em um pomar clonal de primeira geração, com material originado da Geórgia, EUA, e outra metade de material genético oriundo de uma área de produção de sementes com material genético procedente de Zimbabwe. A seleção das matrizes que integram o pomar clonal de primeira geração se deu via seleção genética utilizando índice combinado de seleção contemplando as variáveis volume, retidão de fuste e conicidade. Já as matrizes que compõe a APS foram selecionadas fenotipicamente para DAP e retidão de fuste.

d) Ajuste dos valores fenotípicos

As variáveis DAP, DAP_{base} e $DAP_{2,30m}$, nos locais A e D, apresentaram coeficientes de autocorrelação entre resíduos negativos e significativos no sentido das linhas e das colunas. Desta forma os valores fenotípicos foram ajustados e utilizados para fins de seleção. Utilizou-se a covariável índice de competição de

Hegy, pois essa minimizou os efeitos de competição e das falhas do experimento, resultando em coeficientes de autocorrelação entre resíduos positivos no sentido das linhas e não significativo no sentido das colunas após o ajuste dos valores fenotípicos.

A variável retidão de fuste apresentou coeficientes de autocorrelação entre resíduos no sentido das linhas e das colunas não significativos em ambos os locais, não necessitando de ajuste dos valores fenotípicos.

a) Correlação genética entre variáveis

As correlações genéticas entre as variáveis analisadas apresentaram baixa magnitude para os dois locais analisados, de acordo com a classificação de Resende (2015) (TABELA 5.2). Correlações nulas entre a variável retidão e variáveis de crescimento em *P. taeda* podem ser vistas no trabalho de Ferreira (2005).

TABELA 5.2 - CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE AS VARIÁVEIS DAP, RETIDÃO (RET) E FATOR DE CONICIDADE (FC) EM UM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA.

	LOCAL A	LOCAL D
DAP X RET	0,13	0,26
DAP X FC	0,10	0,08
RET X FC	0,00	0,20

São consideradas altas as correlações genéticas acima de 0,67, conforme Resende (2015). Na ausência deste tipo de correlação existe a impossibilidade de efetuar a seleção indireta entre as variáveis (RESENDE, 2002). Assim, é recomendável o uso de sistemas que contemple a seleção para várias características.

b) Análise por local

As árvores apresentaram desempenho silvicultural semelhante para as três características avaliadas nos dois locais de plantio (TABELA 5.5). O incremento

médio para variável DAP foi de 2,19 cm.ano⁻¹. Esse desempenho é inferior ao relatado por Martinez et al. (2012), mas superior ao observado por Coutinho et al. (2017) e Ferreira (2005) para a espécie, o que demonstra o potencial silvicultural da população estudada.

No geral, a população base apresenta boa retidão de fuste, condizente com fato de que essa característica fez parte da seleção das matrizes que deram origem para a população base. O valor médio observado para a variável forma de fuste foi 2,66 (TABELA 5.5) com aproximadamente 70% dos indivíduos qualificados com nota máxima de 3. Valores inferiores foram relatados por Ferreira (2005) que estabeleceu notas de 0 a 1 para retidão de fuste em teste de progênies de *P. taeda* aos 17 anos e obteve nota média de 0,51. Silva et al. (2011) obteve média de 2,99 (nota máxima de 5) em teste de progênies de *P. caribea* aos 14 anos de idade e; utilizando a mesma escala de notas, Aguiar et al. (2010), obteve nota média de 3,3 para *P. greggii* em teste aos 13 anos.

A média para variável fator de conicidade (primeira tora de 2,20 m de comprimento) foi de 0,77, o que pode ser considerado um desempenho médio (TABELA 5.5) quando comparado ao trabalho de Bonduelle et al. (2006) que, avaliando toras de *Pinus* sp., obtiveram valor de 0,91 para a variável fator de conicidade. Os autores afirmam que quanto mais cilíndrica a tora maior o rendimento para laminação, uma vez que há menor perda de madeira no processo de arredondamento.

A análise de deviance apontou diferenças significativas entre as progênies somente no local A, sendo para as variáveis DAP e fator de conicidade, significância a 1% de probabilidade e, para forma de fuste, a 5% de probabilidade pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) (TABELA 5.3). No local D não houve significância para os efeitos de progênies, mas houve significância a 1% de probabilidade para os efeitos de parcelas em todas as variáveis (TABELA 5.4), o que indica que o efeito ambiental predominou na variação entre as progênies para as variáveis avaliadas nesse local.

TABELA 5.3 - ANÁLISE DE DEVIANCE EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* AOS 9 ANOS DE IDADE PARA O LOCAL A NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE INDIVIDUAL.

VARIÁVEL	EFEITO	DEVIANCE	LTR	COMPONENTE VARIÂNCIA	COEFICIENTE DE DETERMINAÇÃO
DAP	Parcela	5113,18	64,29*	0,674	0,141*
	Progênie	5061,8	12,91*	0,812	0,169*
	Modelo	5048,89	-	-	-
Retidão	Parcela	-741,21	54,56*	0,025	0,128*
	Progênie	-789,96	5,81**	0,032	0,100**
	Modelo	-795,77	-	-	-
Fator de conicidade	Parcela	-10839,42	10,97*	0,0002	0,053*
	Progênie	-10834,76	15,63*	0,0001	0,146*
	Modelo	-10850,39	-	-	-

Onde: LTR: Teste da razão da verossimilhança; **, * e ns: significativo a 5%; 1% e não significativo pelo teste do qui-quadrado com 1 grau de liberdade, respectivamente.

TABELA 5.4 - ANÁLISE DE DEVIANCE EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* AOS 9 ANOS DE IDADE PARA O LOCAL D NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE INDIVIDUAL.

VARIÁVEL	EFEITO	DEVIANCE	LTR	COMPONENTE VARIÂNCIA	COEFICIENTE DE DETERMINAÇÃO
DAP	Parcela	3685,72	134,94*	0,373	0,240*
	Progênie	3554,4	3,62 ^{ns}	0,747	0,121 ^{ns}
	Modelo	3550,78	-	-	-
Retidão	Parcela	-454,67	16,01*	0,024	0,089*
	Progênie	-469,39	1,29 ^{ns}	0,013	0,050 ^{ns}
	Modelo	-470,68	-	-	-
Fator de conicidade	Parcela	-6541,32	20,02*	0,0004	0,095*
	Progênie	-6557,67	3,67 ^{ns}	0,0004	0,091 ^{ns}
	Modelo	-6561,34	-	-	-

Onde: LTR: Teste da razão da verossimilhança; **, * e ns: significativo a 5%; 1% e não significativo pelo teste do qui-quadrado com 1 grau de liberdade, respectivamente.

Os valores do coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parc}) ficaram acima do recomendado (TABELA 5.5) por Sturion e Resende (2005) que consideram baixos c^2_{parc} menores que 0,10 para herdabilidades altas. Além disso, os efeitos de parcela a 1% de probabilidade foram significativos para todas as variáveis e locais (TABELA 5.3 e TABELA 5.4), indicando que, para os valores de herdabilidades encontrados, não houve eficiência no delineamento empregado, pois permaneceu a heterogeneidade ambiental dentro dos blocos. Porém, o coeficiente de variação experimental ($CV_{e\%}$) foi de baixa magnitude, inferiores a 8%, em todos

os locais para DAP e fator de conicidade, indicando, conforme Martinez et al. (2012), uma boa precisão experimental para essas variáveis (TABELA 5.5).

O coeficiente de variação genética individual ($CV_{gi\%}$) foi baixo para todas as variáveis em ambos locais (TABELA 5.5), o que não é favorável para o progresso genético com a seleção, pois coeficientes de variação genética aditiva dão indícios da existência de variabilidade genética e, quanto maior for esse valor, maior será a facilidade de se encontrar indivíduos superiores que poderão proporcionar ganhos na seleção (AGUIAR et al., 2010).

As herdabilidades no sentido restrito (h^2_a) estimadas para as variáveis no local A foram maiores que as estimadas no local D (TABELA 5.5). Para DAP, os valores de h^2_a ficaram abaixo da média dos valores encontrados nos trabalhos de Ferreira (2005), Cumbie et al. (2012), Martinez et al. (2012) e Coutinho et al. (2017) em testes com *P. taeda*. O valor predito de h^2_a para retidão do fuste no local A foi superior ao obtido por Ferreira (2005) em *P. taeda* e Silva et al. (2011) em *P. caribaea* var. *caribaea*. Para essa variável, Aguiar et al. (2010) obteve h^2_a de 0,26 em *P. greggii* e Wu et al. (2008) estimava de 0,23 em *P. radiata*.

As herdabilidades médias de progênies (h^2_{mp}) foram baixas no local D e para a variável retidão de fuste no local A. Nesse mesmo local, as variáveis DAP e fator de conicidade apresentaram valores altos de h^2_{mp} (0,52 a 0,55) e conduziram a altas acurácias seletivas (72% a 74%) na seleção de progênies (TABELA 5.5), que de acordo com Resende (2007b), acurácias acima de 70% são desejáveis nas etapas iniciais e intermediárias do melhoramento.

TABELA 5.5 - COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DAP, RETIDÃO (RET) E FATOR DE CONICIDADE (FC) AOS NOVE ANOS DE IDADE EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* PLANTADO EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE INDIVIDUAL.

	LOCAL A			LOCAL D		
	DAP	RET	FC	DAP	RET	FC
σ^2_a	0,812	0,025	0,0002	0,377	0,013	0,0004
σ^2_{parc}	0,674	0,032	0,0001	0,747	0,024	0,0004
σ^2_e	3,305	0,196	0,001	1,984	0,230	0,004
σ^2_f	4,791	0,254	0,002	3,107	0,267	0,004
h^2_a	0,169 ± 0,05	0,100 ± 0,04	0,146 ± 0,05	0,121 ± 0,05	0,050 ± 0,03	0,091 ± 0,04
h^2_{ajus}	0,197	0,115	0,154	0,160	0,054	0,100
c^2_{parc}	0,141	0,128	0,053	0,240	0,089	0,095
h^2_{mp}	0,517	0,394	0,555	0,335	0,238	0,361
Ac_{prog}	0,719	0,627	0,745	0,578	0,487	0,600
h^2_{ad}	0,156	0,088	0,120	0,125	0,041	0,077
$CV_{\text{gi}\%}$	4,514	5,975	2,002	3,168	4,350	2,610
$CV_{\text{gp}\%}$	2,257	2,988	1,001	1,584	2,175	1,305
$CV_{\text{e}\%}$	5,770	9,811	2,373	5,471	9,542	4,257
CV_r	0,391	0,305	0,422	0,290	0,228	0,307
PEV	0,098	0,004	0,000	0,063	0,003	0,000
SEP	0,313	0,062	0,005	0,250	0,050	0,008
u	19,961	2,663	0,771	19,383	2,644	0,762

Onde: σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_e : variância residual dentro da parcela (ambiental + genética não aditiva); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; h^2_{ajus} : herdabilidade individual no sentido restrito, ajustada para os efeitos de parcela; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênie; Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; $CV_{\text{gi}\%}$: coeficiente de variação genética aditiva individual; $CV_{\text{gp}\%}$: coeficiente de variação genotípica entre progênies; $CV_{\text{e}\%}$: coeficiente de variação residual; CV_r : coeficiente de variação relativo; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa; u = Média geral do experimento.

c) Correlação genética entre locais

Não houve significância no efeito da interação genótipo x ambiente no desempenho das progênies entre os locais pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) para as três variáveis avaliadas (TABELA 5.6). Altas correlações genéticas entre o desempenho das progênies nos dois locais foram observadas somente para as variáveis DAP e fator de conicidade (TABELA 5.7). Deste modo, o estabelecimento de somente uma zona de melhoramento entre os locais A e D contemplando a seleção simultânea de caracteres é possível com a inclusão de destas duas variáveis.

O efeito de parcela foi significativo a 1% de probabilidade pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) para as três variáveis avaliadas (TABELA 5.6) e o c^2_{parc} superior a 0,10 para as variáveis DAP e retidão de fuste (TABELA 5.7), o que demonstra variabilidade entre as parcelas dentro dos blocos o que pode ter influenciado os baixos valores de herdabilidade. Para melhor homogeneidade ambiental dentro dos blocos poderiam ser adotadas parcelas menores e um maior número de repetições, ou ainda, outro delineamento experimental, pois há uma pequena declividade atuando nas duas direções do experimento em alguns blocos.

TABELA 5.6 - ANÁLISE DE DEVIANCE EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* AOS 9 ANOS DE IDADE PARA NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE CONJUNTA..

VARIÁVEL	EFEITO	DEVIANCE	LTR	COMPONENTE VARIÂNCIA	COEFICIENTE DE DETERMINAÇÃO
DAP	Parcela	8881,91	173,54*	0,697	0,175*
	Progênie	8715,5	7,13*	0,521	0,131*
	Interação	8708,89	0,52 ^{ns}	0,03	0,007 ^{ns}
	Modelo	8708,37	-	-	-
Retidão	Parcela	-1194,38	68,48*	0,029	0,113*
	Progênie	-1261,61	1,25 ^{ns}	0,010	0,039 ^{ns}
	Interação	-1261,71	1,15 ^{ns}	0,003	0,010 ^{ns}
	Modelo	-1262,86			
Fator de conicidade	Parcela	-16972,30	36,14*	0,0002	0,081*
	Progênie	-17002,44	6,00**	0,0002	0,089**
	Interação	-17007,87	0,57 ^{ns}	0,00002	0,007 ^{ns}
	Modelo	-17008,44			

Onde: LTR: Teste da razão da verossimilhança; **, * e ns: significativo a 5%; 1% e não significativo pelo teste do qui-quadrado com 1 grau de liberdade, respectivamente.

A variância genética aditiva (σ^2_a) estimada foi de baixa magnitude para as variáveis DAP, retidão de fuste e fator de conicidade que propiciaram baixos valores de h^2_a (TABELA 5.7), assim como no trabalho de Aguiar et al. (2011) sendo o ambiente a causa comum das variações existentes entre as progênies. Assim, a seleção não resultará em ganhos expressivos.

TABELA 5.7 - COMPONENTES DE VARIÂNCIA E PARÂMETROS GENÉTICOS PARA DAP, RETIDÃO (RET) E FATOR DE CONICIDADE (FC) AOS NOVE ANOS DE IDADE EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* PLANTADO EM DOIS LOCAIS NO ESTADO DE SANTA CATARINA PELA ANÁLISE CONJUNTA.

	DAP	RET	FC
σ^2_a	0,521	0,010	0,0002
σ^2_{parc}	0,697	0,029	0,0002
σ^2_{int}	0,029	0,003	0,00002
σ^2_e	2,742	0,217	0,002
σ^2_f	3,989	0,259	0,003
h^2_a	0,131 \pm 0,03	0,039 \pm 0,02	0,089 \pm 0,03
c^2_{parc}	0,175	0,113	0,081
c^2_{int}	0,007	0,010	0,007
h^2_{mp}	0,545	0,280	0,512
Ac_{prog}	0,738	0,529	0,715
h^2_{ad}	0,125	0,034	0,075
rg_{loc}	0,817	0,485	0,752
PEV	0,059	0,002	0,000
SEP	0,243	0,043	0,006
u	19,702	2,654	0,767

Onde: σ^2_a : variância genética aditiva; σ^2_{parc} : variância ambiental entre parcelas; σ^2_{int} : variância da interação genótipo x ambiente; σ^2_e : variância residual dentro da parcela (ambiental + genética não aditiva); σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2_a : herdabilidade individual no sentido restrito; c^2_{parc} : coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c^2_{int} : coeficiente de determinação dos efeitos da interação genótipo x ambiente; h^2_{mp} : herdabilidade média de progênie; Ac_{prog} : acurácia da seleção de progênies; h^2_{ad} : herdabilidade aditiva dentro de parcela; rg_{loc} : correlação genética entre locais; PEV: variância do erro de predição dos valores genotípicos de progênie, assumindo sobrevivência completa; SEP: desvio padrão do valor genotípico predito de progênie, assumindo sobrevivência completa; u = Média geral do experimento

5.3.2. Seleção genética de indivíduos superiores

Para estabelecimento da população selecionada, além de uma equilibrada distribuição dos ganhos entre as características, visou-se a manutenção da diversidade genética baseada no tamanho efetivo populacional (N_e). Para isso, buscou-se um N_e acima de 50 e a seleção de no máximo 4 indivíduos por família na formação de pomares clonais de sementes (PCS) com 100 indivíduos. Segundo Pires et al. (2011), um N_e de 50 é suficiente minimizar os efeitos da depressão por endogamia e, conforme Resende (2015), a seleção com restrição ao incremento da

endogamia, com a redução no número de indivíduos selecionados por família, aumenta o N_e sem impactar drasticamente o progresso genético (RESENDE, 2015).

Como não houve diferença significativa entre as progênes para as três variáveis avaliadas no local D pelo teste da razão de verossimilhança (LRT) (TABELA 5.4) a seleção por local foi efetuada somente para o local A.

Os maiores ganhos genéticos foram observados quando foi efetuada a seleção direta na variável de interesse. Com valores preditos nos ganhos genéticos de 3,86%, 1,71% e 3,07% para DAP, fator de conicidade e retidão de fuste, respectivamente, quando são selecionados no máximo quatro indivíduos por família (PCS-4) (TABELA 5.8). Contudo, essa seleção não é eficiente para o progresso genético das demais variáveis (TABELA 5.8), uma vez que a seleção indireta não é eficiente na presença de correlações genéticas de baixas magnitudes (RESENDE, 2015), pois os melhores indivíduos para uma variável não o são para outra. Neste caso é recomendável a utilização dos índices de seleção, buscando a obtenção de respostas mais equilibradas nos ganhos, para as características consideradas (MARTINS et al., 2006).

TABELA 5.8 - GANHOS GENÉTICOS COM A SELEÇÃO DIRETA E INDIRETA PARA AS VARIÁVEIS DAP, RETIDÃO (RET) E FATOR DE CONICIDADE (FC) EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* PLANTADO NO LOCAL A NO ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS).

VARIÁVEL SELECIONADA	GANHOS	PCS 4		
		DAP	FC	RET
DAP	GS	0,771	0,001	0,008
	GS%	3,86	0,11	0,31
	GT%		4,31	
FC	GS	0,092	0,013	0,001
	GS%	0,46	1,71	0,04
	GT%		2,21	
RET	GS	0,093	0,0005	0,082
	GS%	0,46	0,06	3,07
	GT%		3,60	

Onde: GS: ganho na seleção; GS%: ganho genético em porcentagem; GT%: ganho genético total em porcentagem; PCS-4: pomar clonal de sementes no máximo quatro indivíduos da mesma família.

A ineficiência da seleção direta pode ainda ser verificada pelos valores praticamente nulos do coeficiente de coincidência de Cohen (k) entre essas variáveis na seleção direta (TABELA 5.9).

Os índices de seleção utilizados (Smith Hazel, multiplicativo e soma dos postos) apresentaram coeficiente de coincidência de Cohen (k) próximos de 0,60 (TABELA 5.9), ou seja, houve uma concordância substancial entre os indivíduos selecionados por esses índices e por isso proporcionaram ganhos genéticos totais semelhantes. No entanto, priorizaram de forma diferente cada variável (TABELA 5.10), assim, a decisão em relação do melhor método de seleção deve ser condizente com o objetivo que se almeja com o programa de melhoramento genético.

TABELA 5.9 - COEFICIENTE DE COINCIDÊNCIA DE COHEN (K) ENTRE OS DIFERENTES MÉTODOS DE SELEÇÃO EM TESTE DE PROGENIES DE *P. taeda* PLANTADO NO LOCAL A NO ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES (PCS).

MÉTODO SELEÇÃO	DAP	FC	RET	NI	IS	MM	IM
DAP	1	0,00	-0,01	0,27	0,32	0,15	0,37
FC		1	0,04	0,03	0,22	0,18	0,18
RET			1	0,20	0,14	0,21	0,25
NI				1	0,26	0,33	0,45
IS					1	0,60	0,60
MM						1	0,62

Onde: DAP: seleção direta para variável DAP; FC: seleção direta para variável fator de conicidade; RET: seleção direta para variável retidão de fuste; NI: seleção pelo método de níveis independentes; IS: índice clássico de Smith e Hazel considerando igual ênfase; IM: índice multiplicativo; MM: índice de soma de postos.

Todos os métodos de seleção apresentaram Ne maior que 50 na formação do PCS-4 e ganhos genéticos totais maiores que os obtidos pela seleção direta e indireta (TABELA 5.10). Índices de seleção também foram mais eficientes que a seleção direta e indireta nos trabalhos de Missio et al. (2004), Martins et al. (2006) e Moraes Neto et al. (2007).

O índice clássico de Smith e Hazel (IS) apresentou melhor distribuição de ganhos genéticos, além do maior Ne (TABELA 5.10). Assim, a utilização do índice clássico de Smith e Hazel (IS) foi o mais adequado para a estratégia de seleção

desejada, com nova média para a população selecionada de 20,53 cm para DAP, 0,78 para fator de conicidade, 2,71 para retidão de fuste e Ne de 65,4.

TABELA 5.10 - GANHOS GENÉTICOS E TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL COM BASE EM MÉTODOS DE SELEÇÃO SIMULTÂNEA PARA AS VARIÁVEIS DAP, RETIDÃO (RET) E FATOR DE CONICIDADE (FC) EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* PLANTADO NO LOCAL A NO ESTADO DE SANTA CATARINA PARA FORMAÇÃO DE POMAR CLONAL DE SEMENTES.

MÉTODO SELEÇÃO	GANHOS	DAP	FC	RET	Ne
NI	GS	0,569	0,001	0,050	
	GS%	2,85	0,07	1,87	61,8
	GT%		4,79		
IS	w	0,457	24,754	1,986	
	b	0,074	3,071	0,169	
	GS	0,573	0,008	0,043	65,4
	GS%	2,87	1,05	1,61	
	GT%		5,54		
IM	GS	0,593	0,005	0,058	
	GS%	2,97	0,67	2,18	60,3
	GT%		5,82		
MM	GS	0,447	0,008	0,058	
	GS%	2,24	0,99	2,19	60,0
	GT%		5,41		

Onde: GS: ganho na seleção; GS%: ganho genético em porcentagem; GT%: ganho genético total em porcentagem; PCS-4: pomar clonal de sementes no máximo quatro indivíduos da mesma família; w: peso econômico; b: coeficiente de ponderação do índice; NI: seleção pelo método de níveis independentes; IS: índice clássico de Smith e Hazel considerando igual ênfase; IM: índice multiplicativo; MM: índice de soma dos postos; Ne: tamanho efetivo populacional.

A utilização do método de igual ênfase como peso econômico padroniza os valores dos caracteres mantendo a proporcionalidade dos mesmos, tornando-os adimensionais. Nesse método considera-se que a alteração de unidade em determinado caractere é tão importante quanto à alteração de uma unidade em outro caractere (PIRES et al., 2011). Outras opções de pesos econômicos podem ser vistos no trabalho de Missio et al. (2004), em que os autores relatam que o emprego do índice de Smith e Hazel, com a utilização do CV_g como peso econômico, propiciou melhores resultados nos ganhos genéticos para as variáveis DAP, altura, forma de fuste e volume em *Pinus caribaea* var. *bahamensis*. Já em *Eucalyptus grandis* o uso desse índice de seleção, para características de crescimento e de incidência de

doenças, não proporcionou uma distribuição de ganhos condizentes com os propósitos estabelecidos pelos autores (MARTINS et al., 2006). Moraes Neto et al. (2007) utilizaram o índice multifeito como fator de multiplicação no índice e esse foi o método que apresentou maior ganho genético total em *Pinus caribaea* var. *bahamensis* para as variáveis forma do tronco, volume e DAP.

Na seleção para formação de uma área produtora de sementes que atenda os dois locais não houve a inclusão da variável retidão de fuste. A formação do PCS-4 pela análise conjunta, utilizando o índice de seleção de Smith Hazel para as variáveis DAP e fator de conicidade, resultou nas mesmas famílias e na metade dos indivíduos do PCS-4 formado para o local A.

À vista disso, sementes coletadas desses indivíduos podem ser utilizadas para plantio na região testada no local D resultando em uma nova média de 20,33 cm para DAP, 0,78 para fator de conicidade e 2,66 para retidão de fuste. Ressalta-se que é vantajosa ao programa de melhoramento genético a formação de áreas que atendam uma zona de melhoramento pela redução de custos operacionais envolvidos na produção de sementes.

5.4. CONCLUSÕES

Há baixa variabilidade genética na população base estudada para as características DAP, retidão de fuste e fator de conicidade. Observa-se interação genótipo x ambiente significativa para variável retidão de fuste entre os dois locais testados não possibilitando a inclusão dessa variável para formação de um PCS que atenda ambos locais.

A seleção dos indivíduos usando o índice de seleção de Smith e Hazel com igual ênfase para as características DAP, retidão de fuste e conicidade, é a melhor estratégia para seleção das árvores para compor um PCS, com restrição de no máximo quatro indivíduos por família, a ser estabelecido no local A, pois apresenta melhor eficiência na distribuição de ganhos e maior tamanho efetivo populacional.

REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. V. de; SOUSA, V. A. de, FRITZSONS, E.; PINTO JUNIOR, J. E. Programa de melhoramento de *Pinus* da Embrapa Florestas. **Documento 233**. Embrapa Florestas, Colombo, PR, 2011.
- AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A. de; SHIMIZU, J. Y. Seleção genética de progênies de *Pinus greggii* para formação de pomares de sementes. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 62, p. 107-117, 2010.
- ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; de MORAES, G.; LEONARDO, J.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.
- BONDUELLE, G. M.; IWAKIRI, S.; CHIES, D.; MARTINS, D. Fatores que influenciam no rendimento em laminação de *Pinus spp*. **Floresta e Ambiente**, v.12, n.2, p. 35 – 41, 2006.
- COUTINHO, R. T.; BESPALHOK FILHO, J. C.; FRITSCH NETO, R.; FRIZZO, C. Viabilidade da seleção precoce de *Pinus taeda* L. em diâmetro a altura do peito em programa de melhoramento genético. **Scientia Forestalis**, v. 45, n. 113, p. 205-219, 2017.
- CUMBIE, W. P.; ISIK, F. and MCKEAND, S. E. Genetic improvement of sawtimber potential in loblolly pine. **Forest Science**, v. 58, n. 2, p. 168-177, 2012.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: volume 2. 3 ed. – Viçosa, MG: Ed. UFV, 2014.
- FERREIRA, A. R. **Análise Genética e Seleção em Testes Dialélicos de *Pinus taeda* L.** Tese (doutorado). Universidade Federal do Paraná: 2005.
- INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES (IBÁ). **Relatório IBÁ 2017 ano base 2016**. Brasília: IBÁ, 2017. 80 p.
- ISHIBASHI, V.; MARTINEZ, D. T.; HIGA, A. R. Phenotypic models of competition for *Pinus taeda* L genetic parameters estimation. **Cerne**, v. 23, n. 3, p. 349-358, 2017.
- LIMA, M. de L. A. **Estrutura genética de uma população base de segunda geração de *Pinus taeda* L. com o uso de marcadores moleculares microsatélites**. Tese (Pós-doutorado). Universidade Federal do Paraná, 2010.
- MARTINEZ, D.T.; RESENDE, M. D. V.; COSTA, R. B. da; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A. dos; FIER, I. S. N. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. **Floresta**, v. 42, n. 3, p. 539 - 552, 2012.

MARTINS, I. S.; MARTINS, R. de C. C.; PINHO, D. dos S. Alternativas de índices de seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Cerne**, v. 12, n. 3, p. 287-291, 2006.

MISSIO, R. F.; CAMBUIM, J.; MORAES, M. L. T. de; PAULA, R. C. de. Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, n. 66, p. 161-168, 2004.

MORAES, M., ZANATTO, A., MORAES, E., SEBBENN, A.; FREITAS, M. Variação genética para caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus camaldulensis* em Luiz Antônio-SP. **Revista do Instituto Florestal**, v. 19, n. 2, p. 113-118, 2007.

MORAES NETO, S. P.; MELIM, L. L.; SOUSA, T. G. **Seleção simultânea de caracteres por indivíduo no melhoramento de** *Pinus caribaea* var. *hondurensis*. Embrapa Cerrados, 2007.

MURARA JUNIOR, M. I.; ROCHA, M. P. da; TRUGILHO, P. F. Estimativa do rendimento em madeira serrada de pinus para duas metodologias de desdobro. **Floresta e Ambiente**, v. 20, n. 4, p. 556-563, 2013.

NOGUEIRA, G. S.; LEITE, H. G.; REIS, G. G.; MOREIRA, A. M. Influência do espaçamento inicial sobre a forma do fuste de árvores de *Pinus taeda* L. **Revista Árvore**, v.32, n.5, p.855-860, 2008.

PIRES, I. E.; RESENDE, M.D. V; SILVA, R. L. da; RESENDE JUNIOR, M. F. R. **Genética Florestal**. Viçosa, MG: Arka, 2011. 318 p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa. Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. **Selegen-Reml/Blup**: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 361 p.

RESENDE, M.D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. 362p.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Viçosa, 2015.

SILVA, J. M. da; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. de Variação Genética e ganho esperado na seleção de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria, MS. **Scientia Forestalis**, v. 39, n. 90, p. 241-252, 2011.

STURION, J. A. e RESENDE, M. D. V. Eficiência do delineamento experimental e capacidade de teste no melhoramento genético da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil). **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 50, p. 3-10, 2005.

WU, H. X.; IVKOVIC, M.; GAPARE, W. J.; MATHESON, A. C.; BALTUNIS, B. S.; POWELL, M. B.; MCRAE, T. A. Breeding for wood quality and profit in *Pinus radiata*: a review of genetic parameter estimates and implications for breeding and deployment. **New Zealand Journal of Forestry Science**, n. 38, v. 1, p. 56-87, 2008.

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A qualidade experimental é fator fundamental para a eficiência da seleção genética, pois uma boa seleção é dependente de estimativas de componentes de variância e predição de parâmetros genéticos confiáveis. Dentre os fatores que influenciam as estimativas, e que não podem ser controlados com antecedência, os efeitos de competição entre plantas e a falhas de plantas vizinhas não devem ser negligenciados.

A análise espacial com o uso dos coeficientes de autocorrelação residual foi uma ferramenta de grande valor para avaliação da qualidade experimental e para posterior validação da correção dos dados para efeitos de competição via análise de covariância em teste de progênies de *Pinus taeda* com nove anos de idade. Ao se corrigir os dados para os efeitos de competição houve uma redução expressiva no efeito genético predito, distinção no ordenamento dos melhores indivíduos e na formação de zonas de melhoramento. Portanto, sem o ajuste dos dados incorreriam erros na seleção e superestimavas nos ganhos genéticos.

A baixa variabilidade genética existente na população-base estudada, que já havia sido detectada em estudos anteriores, sugere que esta população já atingiu seu limite seletivo. Ainda assim, adotou-se uma estratégia visando à manutenção da diversidade genética na população selecionada, com a formação de pomares clonais de sementes com 100 indivíduos e restringindo no máximo quatro indivíduos por família. Sendo, os ganhos genéticos obtidos com a seleção condizentes com o grau de melhoramento da população-base.

A recomendação de cruzamentos controlados entre famílias mais produtivas e com maiores distâncias genéticas podem aumentar a variabilidade genética na população segregante e de alelos com novas combinações favoráveis. Igualmente, a introdução de novos materiais genéticos para ampliar a base genética será favorável para a continuidade do programa de melhoramento.

A população selecionada pode ser parte de um programa de melhoramento genético para espécie estudada conduzido em populações múltiplas e possibilita, ainda, o estudo de outras variáveis relacionadas com a qualidade da madeira, como a densidade básica, em função da ausência de correlação genética entre essas características e as variáveis de crescimento.

REFERÊNCIAS

- AGUIAR, A. V. de; SOUSA, V. A. de; FRITZSON, E.; PINTO JUNIOR, J. E. Programa de melhoramento de *Pinus* da Embrapa Florestas. **Documento 233**. Embrapa Florestas, Colombo, PR, 2011.
- AGUIAR, A. V. de; SOUSA, V. A. de; SHIMIZU, J. Y. **Cultivo de *Pinus***. Embrapa Florestas, Sistemas de Produção, 2ª edição, jun de 2014. Disponível em < <https://www.spo.cnptia.embrapa.br>> Acesso em 18 de ago de 2015.
- AGUIAR, A. V.; SOUSA, V. A. de; SHIMIZU, J. Y. Seleção genética de progênies de *Pinus greggii* para formação de pomares de sementes. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 62, p. 107-117, 2010.
- ALVARES, C. A.; STAPE, J. L.; SENTELHAS, P. C.; de MORAES, G.; LEONARDO, J.; SPAROVEK, G. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711-728, 2013.
- ASSIS, T. F. Melhoramento genético do eucalipto. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 189, p. 32-51, 1996.
- BARROS, H. D.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. de C.; CRUZ, C. D. Análises paramétricas e não-paramétricas para determinação da adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja. **Scientia Agraria**, v. 9, n. 3, p. 299-309, 2008.
- BONDUELLE, G. M.; IWAKIRI, S.; CHIES, D.; MARTINS, D. Fatores que influenciam no rendimento em laminação de *Pinus spp*. **Floresta e Ambiente**, v.12, n.2, p. 35 – 41, 2006.
- BORÉM A. e MIRANDA G. V. **Melhoramento de plantas**. 4º ed., Viçosa: UFV, 2005, 525p.
- BRAGA, F. D. A.; BARROS, N.; SOUZA, A. L. D.; COSTA, L. M. D. Características ambientais determinantes da capacidade produtiva de sítios cultivados com eucalipto. **Revista brasileira de ciência do solo**, v. 23, n. 2, p. 291-298, 1999.
- BRASIL. Decreto-Lei n. 5.153, de 23 de junho de 2004. **Diário Oficial [da] República Federativa do Brasil**, Brasília, DF.
- COUTINHO, R. T. **Viabilidade da seleção precoce e efeito da interação genótipo-ambiente no melhoramento de *Pinus taeda* L.** Dissertação (mestrado). Universidade Federal do Paraná, 2015.
- COUTINHO, R. T.; BESPALHOK FILHO, J. C.; FRITSCH NETO, R.; FRIZZO, C. Viabilidade da seleção precoce de *Pinus taeda* L. em diâmetro a altura do peito em programa de melhoramento genético. **Scientia Forestalis**, v. 45, n. 113, p. 205-219, 2017.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: volume 2. 3 ed. – Viçosa, MG: Ed. UFV, 2014.

CUMBIE, W. P.; ISIK, F. and MCKEAND, S. E. Genetic improvement of sawtimber potential in loblolly pine. **Forest Science**, v. 58, n. 2, p. 168-177, 2012.

FERREIRA, A. R. **Análise genética e seleção em testes dialélicos de *Pinus taeda*** L. Tese (doutorado). Universidade Federal do Paraná: 2005

FREITAS, T. C. M.; DA COSTA, R. M. L.; BIERNASKI, F. A.; ESTOPA, R. A.; DE MORAES, C. B.; MORI, E. S. **Divergência genética entre progênies de *Pinus taeda* por meio de caracteres quantitativos**. 7º Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas. Uberlândia: 2013.

GERNANDT, D. S.; AARON L.; ROBERT A. P. *Pinus* L. **Pine Trees**. Version November 2004 (under construction). Disponível em <<http://tolweb.org/Pinus/21626/2004.11.24>> Acesso em 18 de ago de 2015.

GOLLE, D. P. *et al.* Melhoramento florestal: ênfase na aplicação da biotecnologia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.5, p.1606-1613, 2009.

GOMES, J. B. V.; BOGNOLA, I. A.; STOLLE, L.; dos SANTOS, P. E. T.; MAEDA, S.; da SILVA, L. T. D. M.; BELLOTE, A. F. J.; de CASTRO ANDRADE, G. Unidades de manejo para pinus: desenvolvimento e aplicação de metodologia em áreas de produção no oeste catarinense. **Scientia Forestalis**, v. 44, n. 109, p. 191-204, 2016.

HIGA, A. R.; SHIMIZU, J. Y. Produção de sementes melhoradas de essências florestais. **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, v.3, n.3, p.19-26, 1981.

HOPPE, J. M. *et al.* **Produção de sementes e mudas florestais**, Caderno Didático nº 1, 2ª ed. Santa Maria: 2004. 388 p.: il.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES (IBÁ). **Relatório IBÁ 2017 ano base 2016**. Brasília: IBÁ, 2017. 80 p.

ISHIBASHI, V.; MARTINEZ, D. T.; HIGA, A. R. Phenotypic models of competition for *Pinus taeda* L genetic parameters estimation. **Cerne**, v. 23, n. 3, p. 349-358, 2017.

LIMA, M. de L. A. **Estrutura genética de uma população base de segunda geração de *Pinus taeda* L. com o uso de marcadores moleculares microsatélites**. Tese (Pós-doutorado). Universidade Federal do Paraná, 2010.

MANFIO, C. E.; MOTOIKE, S. Y.; RESENDE, M. D. V.; dos SANTOS, C. E. M.; E SATO, A. Y. Avaliação de progênies de macaúba na fase juvenil e estimativas de parâmetros genéticos e diversidade genética. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 32, n. 69, p. 63-68, 2012.

MARTINEZ, D. T. **Avaliação genética sob heterogeneidade de variância residual dentro de tratamentos.** Tese (doutorado). Universidade Federal do Paraná, 2010.

MARTINEZ, D. T.; RESENDE, M. D. V.; COSTA, R. B. da; HIGA, A. R.; SANTOS, G. A. dos; FIER, I. S. N. Estudo da interação genótipo x ambiente em progênies de *Pinus taeda* por meio da análise de parâmetros genéticos. **Floresta**, v. 42, n. 3, p. 539 - 552, 2012.

MARTINS, I. S.; MARTINS, R. de C. C.; PINHO, D. dos S. Alternativas de índices de seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Cerne**, v. 12, n. 3, p. 287-291, 2006.

MISSIO, R. F.; CAMBUIM, J.; MORAES, M. L. T. de; PAULA, R. C. de. Seleção simultânea de caracteres em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*. **Scientia Forestalis**, n. 66, p. 161-168, 2004.

MORAES NETO, S. P.; MELIM, L. L.; SOUSA, T. G. **Seleção simultânea de caracteres por indivíduo no melhoramento de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*.** Embrapa Cerrados, 2007.

MORAES, M., ZANATTO, A., MORAES, E., SEBBENN, A.; FREITAS, M. Variação genética para caracteres silviculturais em progênies de polinização aberta de *Eucalyptus camaldulensis* em Luiz Antônio-SP. **Revista do Instituto Florestal**, v. 19, n. 2, p. 113-118, 2007.

MURARA JUNIOR, M. I.; ROCHA, M. P. da; TRUGILHO, P. F. Estimativa do rendimento em madeira serrada de pinus para duas metodologias de desdobro. **Floresta e Ambiente**, v. 20, n. 4, p. 556-563, 2013.

NOGUEIRA, G. S.; LEITE, H. G.; REIS, G. G.; MOREIRA, A. M. Influência do espaçamento inicial sobre a forma do fuste de árvores de *Pinus taeda* L. **Revista Árvore**, v.32, n.5, p.855-860, 2008.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; MORA, A. L.; MAESTRI, R. Interação de genótipos de *Pinus taeda* L. com locais no Sul-Sudeste do Brasil. **Cerne**, v.7, n1, p.90-100, 2001.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; SHIMOYAMA, V. R. S.; MORA, A. L. Seleção Precoce para Incremento Simultâneo do Crescimento e da Qualidade da Madeira em *Pinus taeda* L. **Boletim Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 46, p. 31- 46, 2003.

PALUDZYSZYN FILHO, E.; FERNANDES, J. S. C.; RESENDE, M. D. V. Avaliação e seleção precoce para crescimento de *Pinus taeda*. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v. 37, n. 12, p. 1719-1726, 2002.

PIRES, I. E.; RESENDE, M.D. V.; SILVA, R. L. da; RESENDE JUNIOR, M. F. R. **Genética Florestal**. Viçosa, MG: Arka, 2011. 318 p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa. Informação Tecnológica, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Viçosa, 2015.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 362p.

RESENDE, M. D. V. **Melhoramento de essências florestais**. In: BORÉM, A. Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: UFV, 2005.

RESENDE, M. D. V. **Selegen-Reml/Blup**: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 361 p.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEM-REML/BLUP**. Documentos EMBRAPA Campo Grande – 2006.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; ALVES, A. A.; LAVIOLA, B. G.; BHERING L. L. Seleção simultânea de clones de eucalipto de acordo com produtividade, estabilidade e adaptabilidade. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.47, n.7, p.964-971, 2012.

SEBBENN, A. M.; VILAS BÔAS, O.; MAX, J. C. M. Altas herdabilidades e ganhos na seleção para caracteres de crescimento em teste de progênies de polinização aberta de *Pinus elliottii* Engelm var. *elliottii*, aos 25 anos de idade em Assis-SP. **Revista Instituto Florestal**, São Paulo, v. 20. n. 2, p. 95-102, 2008.

SHIMIZU, J. Y. **Pinus na silvicultura brasileira**. Colombo: Embrapa Florestas, 2008. p. 49-74.

SHIMUZU, J. Y.; SPIR, I. H. Z. Seleção de *Pinus elliottii* pelo valor genético para alta produção de resina. **Boletim de Pesquisa Florestal**, Colombo, n. 38, p. 103-117, jan./jun. 1999.

SILVA, J. M. da; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. de Variação Genética e ganho esperado na seleção de progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* em Selvíria, MS. **Scientia Forestalis**, v. 39, n. 90, p. 241-252, 2011.

SILVA, J. M.; AGUIAR, A. V.; MORI, E. S.; MORAES, M. L. T. Divergência genética entre progênies de *Pinus caribaea* var. *caribaea* com base em caracteres quantitativos. **Pesquisa Florestal Brasileira**, Colombo, v. 32, n. 69, p. 69-77, 2012.

SOUZA, F. B. de. **Seleção de espécies e procedências de *Pinus* sp para a região de Assis, estado de São Paulo**. Dissertação (mestrado). Universidade Estadual Paulista. Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, 2015.

STURION, J. A. e RESENDE, M. D. V. Eficiência do delineamento experimental e capacidade de teste no melhoramento genético da erva-mate (*Ilex paraguariensis* St. Hil). **Pesquisa Florestal Brasileira**, n. 50, p. 3-10, 2005.

THIERET, J. W. **Pinaceae**. *In*: Flora of North America Editorial Committee, eds. 1993+. Flora of North America North of Mexico. 18 vols. New York and Oxford. Vol. 2, 1993. Disponível em <
http://www.efloras.org/florataxon.aspx?flora_id=1&taxon_id=233500934> Acesso em 18 de ago de 2015.

VAGAES, T. C. **Estratégias de melhoramento genético para *Pinus taeda* L. no planalto Catarinense**. Dissertação (mestrado). Universidade Federal do Paraná, 2013.

VENCOVSKY, R. e BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, 1992, 496 p.

VERARDI, C. K.; RESENDE, M. D. V. de; COSTA, R. B. da; GONÇALVES, P. S. Adaptabilidade e estabilidade da produção de borracha e seleção em progênies de seringueira. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v.44, n.10, p.1277-1282, 2009.

WU, H. X.; IVKOVIC, M.; GAPARE, W. J.; MATHESON, A. C.; BALTUNIS, B. S.; POWELL, M. B.; MCRAE, T. A. Breeding for wood quality and profit in *Pinus radiata*: a review of genetic parameter estimates and implications for breeding and deployment. **New Zealand Journal of Forestry Science**, n. 38, v. 1, p. 56-87, 2008.

APÊNDICE 1- SOBREVIVÊNCIA (%) POR FAMÍLIA EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* NO ESTADO DE SANTA CATARINA AOS 9 ANOS DE IDADE.

SOBREVIVÊNCIA (%) POR FAMÍLIA EM TESTE DE PROGÊNIES DE *P. taeda* NO ESTADO DE SANTA CATARINA AOS 9 ANOS DE IDADE.

Família	A	B	C	D	Família	A	B	C	D
1	85,71	92,86	92,86	95,24	35	92,86	92,86	95,24	95,24
2	95,24	97,62	97,62	92,86	36	83,33	85,71	92,86	90,48
3	92,86	90,48	95,24	90,48	37	78,57	90,48	-	-
4	92,86	90,48	90,48	97,62	38	-	90,48	-	-
5	88,10	95,24	95,24	92,86	39	83,33	95,24	92,86	88,10
6	85,71	92,86	97,62	92,86	40	95,24	100,00	90,48	90,48
7	88,10	90,48	78,57	92,86	41	90,48	90,48	90,48	90,48
8	91,67	100,00	97,62	91,67	42	100,00	92,86	90,48	90,48
9	83,33	97,62	90,48	88,10	43	92,86	95,24	92,86	92,86
10	92,86	83,33	97,62	92,86	44	92,86	80,95	90,48	83,33
11	88,10	92,86	85,71	92,86	45	92,86	97,62	83,33	92,86
12	92,86	97,62	92,86	85,71	46	97,62	97,62	97,62	85,71
13	85,71	85,71	76,19	95,24	47	88,10	100,00	92,86	92,86
14	88,10	85,71	90,48	92,86	48	83,33	92,86	100,00	85,71
15	85,71	97,62	97,62	92,86	49	61,90	95,24	-	-
16	90,48	83,33	90,48	95,24	50	90,48	95,24	97,62	95,24
17	-	90,48	-	-	51	85,71	92,86	85,71	90,48
18	92,86	95,24	95,24	85,71	52	92,86	95,24	97,62	88,10
19	97,62	100,00	97,62	97,62	53	90,48	92,86	95,24	90,48
20	97,62	97,62	95,24	90,48	54	92,86	95,24	100,00	92,86
21	90,48	92,86	90,48	90,48	55	85,71	95,24	95,24	85,71
22	97,62	92,86	95,24	97,62	56	85,71	90,48	90,48	90,48
23	88,10	97,62	100,00	78,57	57	95,24	88,10	100,00	95,24
24	85,71	90,48	90,48	92,86	58	-	83,33	-	-
25	97,62	100,00	92,86	90,48	59	80,95	71,43	-	-
26	83,33	97,62	85,71	97,62	60	59,52	76,19	-	-
27	92,86	97,62	97,62	90,48	61	95,24	80,95	90,48	97,62
28	95,24	100,00	-	-	62	61,90	-	-	-
29	92,86	100,00	97,62	85,71	63	95,24	83,33	95,24	95,24
30	-	90,48	-	-	64	-	66,67	-	-
31	97,62	90,48	92,86	88,10	65	61,90	-	-	-
32	97,62	97,62	95,24	90,48	66	64,29	-	-	-
33	95,24	92,86	92,86	92,86	67	80,95	-	-	-
34	95,24	85,71	92,86	90,48	68	42,86	-	-	-